

INTRODUÇÃO

A existência de variabilidade genética é essencial para o sucesso de qualquer programa de melhoramento. Contudo, os estudos de diversidade genética baseado em caracterização morfológica têm corroborado nessa identificação nos programas, no caso da batata (*Solanum tuberosum* L.), estudos desse tipo contribui intensamente para a sustentabilidade do cultivo, por permitir a identificação de potencial genitores com efeito heterótico, direcionando cruzamentos e consequentemente, aumentando a probabilidade de aparecimento de progênes superiores. Permite, em programas recentes, enquanto não é lançado mão do uso de marcadores genéticos, a identificação de possíveis duplicatas, reduzindo assim, gastos consideráveis na manutenção do banco de germoplasma.

Desse modo, o objetivo desse estudo foi avaliar a divergência genética de um banco de germoplasma de batatas a partir de caracteres agrônômicos importantes para o mercado de mesa e processamento industrial.

METODOLOGIA

Um painel com 409 acessos de *S. tuberosum* composto por clones avançados e variedades comerciais foram avaliados em condição de campo com parcelas possuindo 15 plantas. Foram avaliados para características de tubérculos conforme descrito por Guedes et al. (2020): formato de tubérculo (FT), profundidade de olhos (PO), coloração do tubérculo (CT), coloração de polpa (CP), número de tubérculos maiores que 4,5 cm de diâmetro (NT), massa de tubérculos maiores que 4,5 cm de diâmetro (MT) e percentual de massa seca (MS).

As análises se basearam na obtenção das médias e coeficiente de dissimilaridade pela distância de Gower (1971) utilizando os caracteres qualitativos e quantitativos avaliados.

Foi realizado a análise de coeficiente de silhueta utilizando o algoritmo PAM (Kaufman; Rousseeuw, 1990) para avaliar a qualidade do agrupamento obtido e decidir o número de grupos.

Os agrupamentos foram realizados utilizando a metodologia t-SNE (Van der Maaten, 2014).

As análises foram realizadas utilizando o software R (R Core Team, 2021).



Figura 1. Área em que foi avaliado o painel composto por 409 acessos de batata (*S. tuberosum*). Piracicaba, 2022.

RESULTADOS E CONCLUSÕES

O algoritmo PAM indicou três grupos contrastantes entre si, sugerindo uma grande divergência genética presente no germoplasma avaliado.

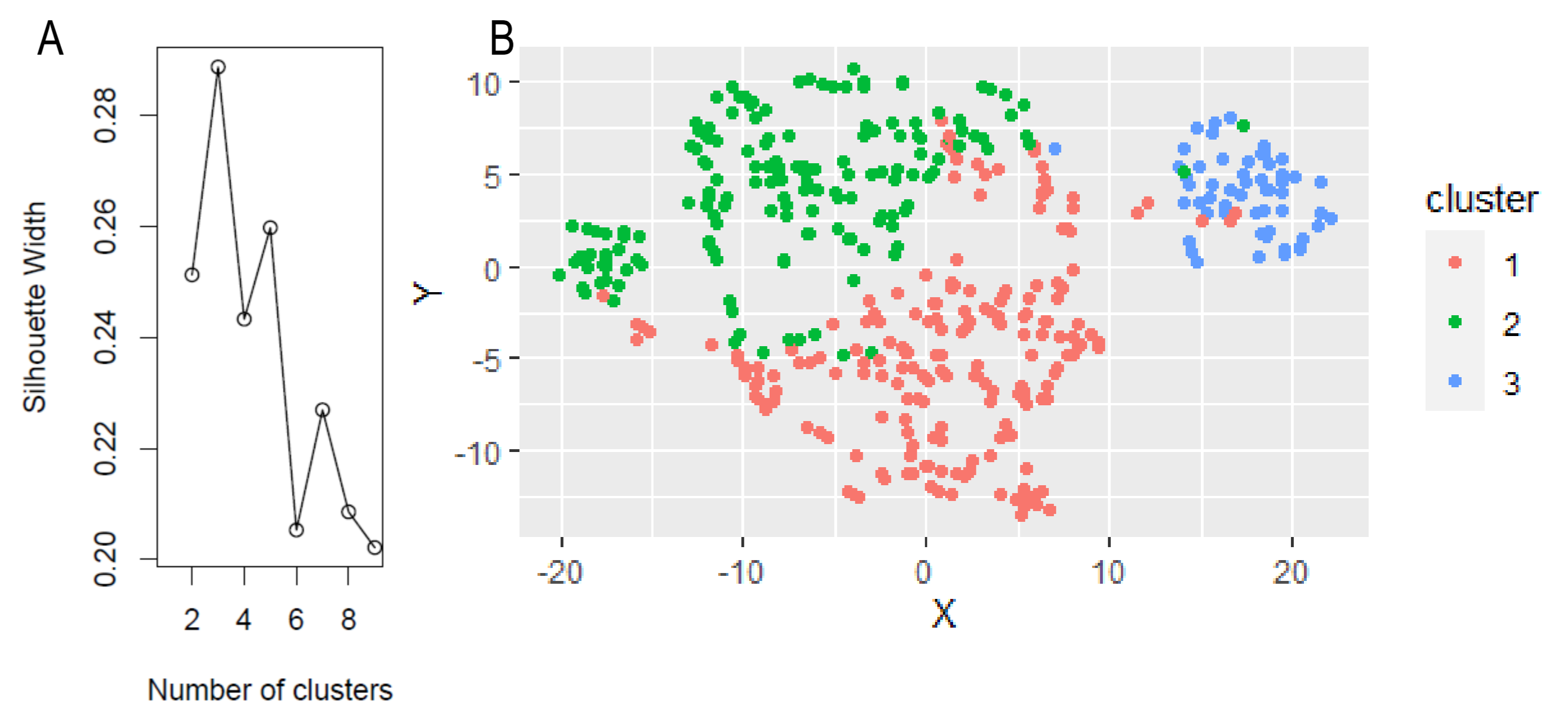


Figura 2. Grupos indicados utilizando o coeficiente de dissimilaridade obtido a partir da distância de Gower. Indicação de grupos pelo algoritmo PAM (A) e análise de agrupamento gráfica pela metodologia t-SNE considerando 5.000 iterações (B). Piracicaba, 2022.

As variedades comerciais Asterix e Atlantic, Ágata, e Cupido foram agrupadas nos Clusters 1, 2 e 3, respectivamente. Discriminando satisfatoriamente as variedades comerciais quanto às características fenotípicas avaliadas. Por outro, lado os acessos SR2-31-03 (cluster 1) e RPC12-47 (1) apresentam-se como os mais dissimilares, enquanto KCR01-11 (2) e SR2-57-11 (3) apresentam-se como os mais similares entre si, mesmo agrupados em clusters distintos. Sugerindo que as características qualitativas possuem grande influência nos agrupamentos, e sua observação criteriosa deve ser considerada para que uma adequada indicação de genitores seja realizada.

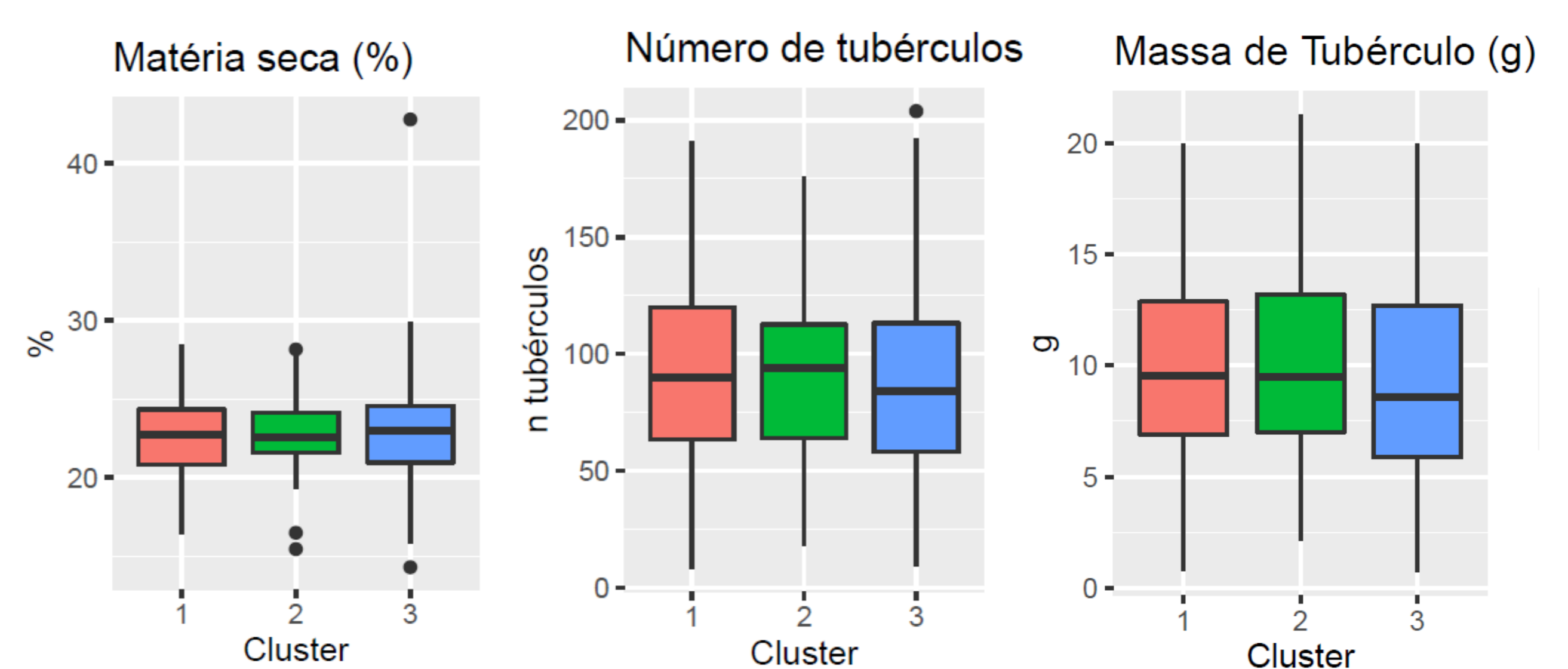


Figura 3. Box-plots das características quantitativas avaliadas para cada grupo formado. Piracicaba, 2022.

As médias das características quantitativas indicam pouca variação entre os grupos formados, destacando-se os *outliers* em MS e NT para o cluster 3, sendo GRO01-03 e RPC01-48, respectivamente. Conclui-se que a formação dos grupos confirmam a existência de divergência genética, vindo a ser um aspecto positivo do ponto de vista da utilização destes genótipos em hibridações artificiais com a finalidade de ampliar a variabilidade genética assim como obter progênes promissoras a serem avaliadas em programas de melhoramento.

AGRADECIMENTOS

