

Diversidade genética em batata utilizando caracteres morfológicos

Givanildo R da Silva¹; João V Nomura¹; Gustavo Nandi¹; Fernando A Piotto¹

¹ESALQ/USP – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”/Universidade de São Paulo. Av. Pádua Dias, 235 - Agronomia, Piracicaba - SP, CEP: 13418-900, Piracicaba – SP, g.rodrigues@usp.br, jnomura@usp.br, gustavo.nandi@usp.br, fpiotto@usp.br.

RESUMO

Estudos de diversidade genética em batata (*Solanum tuberosum* L.) têm sido de grande importância em programas de melhoramento, por fornecerem informações sobre caracteres que permitem a identificação de genitores com potencial efeito heterótico, direcionando cruzamentos e conseqüentemente, aumentando a probabilidade de aparecimento de genótipos superiores nas progênies. 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. Desse modo, 409 acessos foram cultivados sob condição de campo em blocos aumentados e avaliados para formato de tubérculo, profundidade de olhos, coloração de pele, coloração de polpa, número de tubérculos $\geq 4,5$ cm de diâmetro, massa de tubérculos $\geq 4,5$ cm de diâmetro e percentual de massa seca. As análises basearam-se na determinação das médias e obtenção da dissimilaridade pela distância de Gower (1971) utilizando os caracteres qualitativos e quantitativos avaliados. O algoritmo PAM (1990) indicou 13 grupos mais contrastantes entre si, indicando uma grande divergência genética presente no germoplasma avaliado. Conclui-se, contudo, que os acessos avaliados apresentam dissimilaridade genética quanto as características fenotípicas avaliadas, destacando-se os acessos SR2-31-03 e RPC12-47 como os mais dissimilares, enquanto KCR01-11 e SR2-57-11 apresentam-se como os mais similares entre si. A formação de grupos distintos confirma 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 progênies promissoras a serem avaliadas em programas de melhoramento.

PALAVRAS-CHAVE: *Solanum tuberosum* L., dissimilaridade, distância de Gower.

REFERÊNCIAS

- KAUFMAN, L; ROUSSEEUW, PJ. 1990. Partitioning around medoids (program PAM). In: KAUFMAN, L; ROUSSEEUW, PJ (eds). *Finding groups in data: an introduction to cluster analysis*, 344: 68-125.
- GOWER, JC. 1971. A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, 27: 857-871.