

NHANOMBE, EALP; OLIVEIRA, DJLSF; DANGO, FJU; TOLEDO, GN; VARGAS, PF. 2024. Diversidade genética em batata-doce com base em caracteres morfoagronômicos. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 57. Anais... Campinas-SP: ABH. ISBN: 978-65-88904-11-4

Diversidade genética em batata-doce com base em caracteres morfoagronômicos

Edvaldo Aldo L P Nhanombe^{1,2*}; Darllan Júnior L S F de Oliveira¹; Fishua José U Dango¹; Geissiane N Toledo¹; Pablo F Vargas³

¹UNESP – Câmpus de Jaboticabal, CEP: 14884-900, Jaboticabal – SP, Brasil; e.nhanombe@unesp.br; darllan.oliveira@unesp.br; f.dango@unesp.br; geissiane.toledo@unesp.br; ²UniPúnguè – Universidade Púnguè, Faculdade de Ciências Agrárias e Biológicas, CP: 323, Chimoio – Manica, Moçambique; ³UNESP – Câmpus de Registro, CEP: 11900-000, Registro – SP, Brasil; pablo.vargas@unesp.br

*** Apresentador do trabalho no 57º CBO**

RESUMO

A batata-doce é amplamente cultivada e consumida globalmente, sobretudo em países em desenvolvimento, devido ao seu alto valor nutricional. Suas raízes e folhas despertam interesse nos consumidores de diversas classes sociais. Por isso, os programas de melhoramento buscam desenvolver cultivares versáteis para diversas aptidões, atendendo assim a diversas demandas e necessidades de mercado. Deste modo, estudos de diversidade genética têm sido cruciais nos programas de melhoramento, pois fornecem informações sobre características que ajudam a identificar potenciais genitores contrastantes, direcionando os cruzamentos e aumentando as chances de surgirem genótipos superiores na descendência. Assim, objetivou avaliar a divergência genética entre genótipos de batata-doce obtidos por policruzamento usando caracteres morfoagronômicos. Para tal, foram avaliados 291 genótipos, para 16 caracteres, por meio de descritores morfológicos propostos por Huamán (1992), aos 110 DAP. A distância genética foi estimada usando variáveis multicategóricas e os dados foram agrupados usando o método de otimização de Tocher. Ademais, realizou-se análise da contribuição relativa de cada carácter para a dissimilaridade, ambos pelo programa Genes. Dos materiais avaliados, formou-se 59 grupos, dos quais 19 mais contrastantes entre si, apontando grande divergência genética. Isso favorece a inclusão desses genótipos em cruzamentos para ampliar a variabilidade genética e obter progênies promissoras. Ao avaliar 50% dos caracteres, tipo de lóbulos, pigmentação da planta, comprimento da planta, cor da raíz secundária, comprimento da folha, cor da folha imatura e pubescência foi possível alcançar 80% dos ganhos acumulados, dispensando-se os demais caracteres, economizando tempo e recursos nos programas de melhoramento.

PALAVRAS-CHAVE: *Ipomoea batatas* (L.) Lam., dissimilaridade, agrupamento de Tocher.

AGRADECIMENTOS

Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).