

101– DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM CLONES DE BATATA-DOCE POR MEIO DE CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS DE RAIZ



Luan del Rey Silva de Melo¹; André Dutra Silva Júnior¹, Breno Botiko¹, Jéssica Lino Gomes¹, Dalcirlei Pinheiro Albuquerque¹, Carlos Nick Gomes¹, André Zeist Gomes²

¹ UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA, CAMPUS VIÇOSA, MG

² UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA, CAMPUS FLORIANÓPOLIS, SC

INTRODUÇÃO

Embora de extrema importância na segurança alimentar, pesquisas de melhoramento genético da batata-doce ainda são incipientes.



Batata-doce
(*Ipomoea batatas* L.)

- Importância econômica:
- Alimentação animal
 - Alimentação humana
 - Bioenergia



- Produtividade baixa no país
- Genótipos obsoletos
- Potencial produtivo inexplorado



- Objetivou-se determinar a divergência genética da batata-doce por meio de descriptores morfoagronômicos

METODOLOGIA

- Foram utilizados 99 clones da olerícola, em delineamento de blocos casualizados, com duas repetições.

Características avaliadas

- Produção total de raízes tuberosas (PTR)
- Produção de raízes tuberosas comerciais (PRC)
- Número total de raízes tuberosas (NTR),
- Número de raízes tuberosas comerciais (NRT)
- Porcentagem de raízes comerciais (%RC)
- Cor de polpa (Pulp Color)
- Aparência de raízes tuberosas (AR)
- Danos causados por pragas de solo (Endurance).

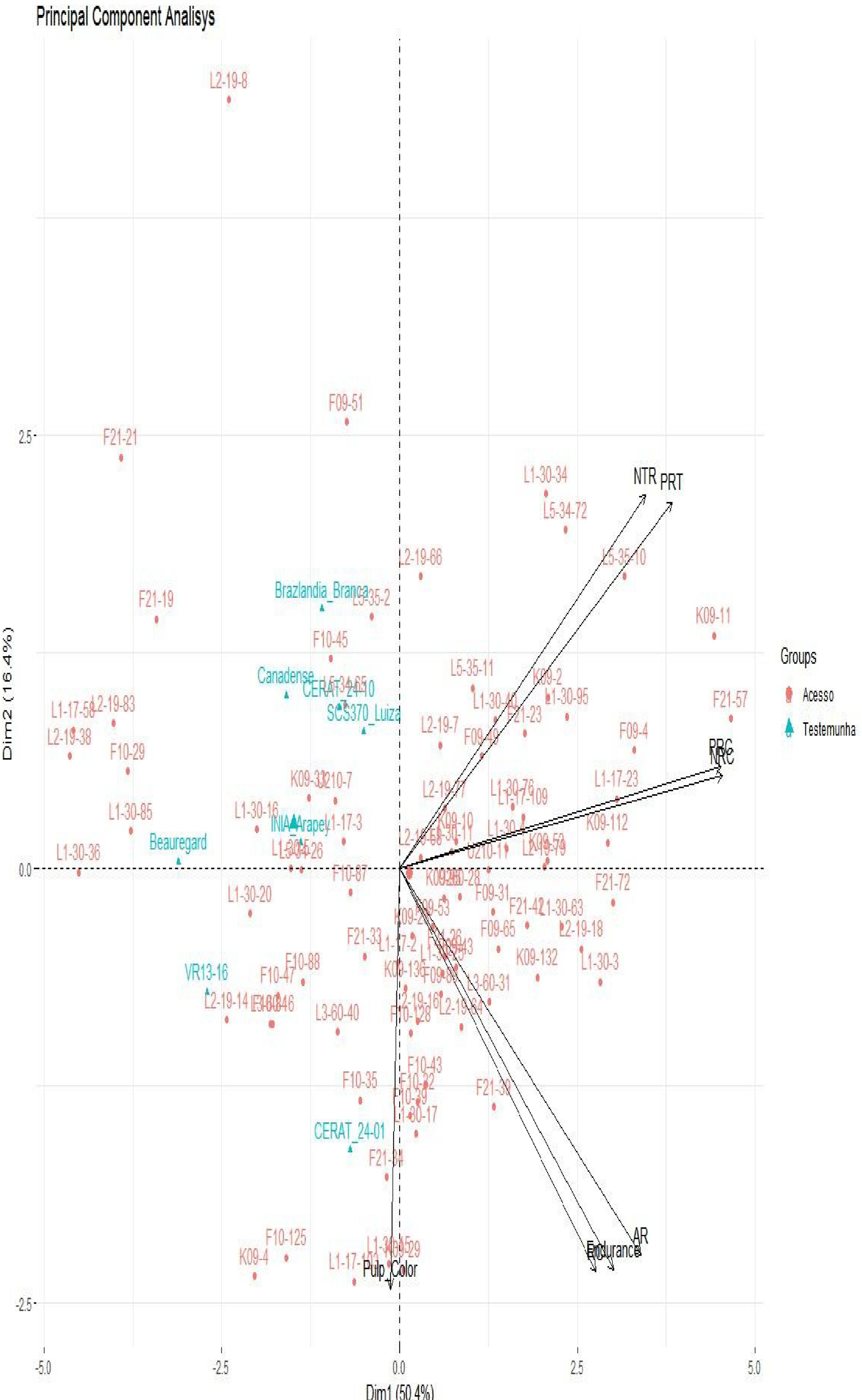
Estatísticas

- Os dados foram submetidos à ANOVA e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott ($p<0.05$).
- Para a avaliação da divergência genética foi utilizada a metodologia dos componentes principais (PCA).

RESULTADOS

Houve diferença significativa para todas as características analisadas pelo teste F, o que possibilita a diferenciação dos clones. Com exceção da Pulp Color, todas as características contribuíram significativamente na discriminação dos clones para o CP1, com destaque para as duas características de maior importância na cultura, PRC e NRC. Em contrapartida, Pulp Color foi a característica que mais contribuiu no CP2, que agregou todas as testemunhas e demonstra que as mesmas e uma minoria de clones tiveram baixa estimativas para as características de interesse. O clone de maior destaque foi F21-57 e o oposto ocorre para L2-19-38. A PCA revelou que os dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2) explicaram 50,4 e 16,4% da variação, respectivamente, somando 66,8% da variabilidade total.

Figura – Análise de componentes principais



CONCLUSÕES

Os descriptores foram satisfatórios em discriminar os clones.

AGRADECIMENTOS



Universidade Federal de Viçosa

