

## Caracterização morfológica de acessos silvestres no Banco Ativo de Germoplasma de batata da Embrapa Clima Temperado

Luís Henrique Dal Molin<sup>1\*</sup>; Laísa Boechel Barcelos<sup>1</sup>; Henrique Padilha<sup>1</sup>; Caroline Marques Castro<sup>2</sup>; Gustavo Heiden<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pelotas. <sup>2</sup>Embrapa Clima Temperado. \*luissdalmolin@gmail.com

A batata além de ser o terceiro alimento mais consumido do mundo é a principal hortaliça plantada no Brasil. A maior produtividade observada ao longo dos anos foi possível por ação de tecnologias agrícolas desenvolvidas por instituições de pesquisa. O melhoramento genético se mostra como a melhor alternativa capaz de suprir a grande demanda por alimentos prevista para os próximos anos. Neste contexto insere-se a Embrapa Clima Temperado com um programa de melhoramento genético atuante desde 1946 e que contribui com a bataticultura nacional lançando materiais genéticos promissores. O melhorista conta com um banco ativo de germoplasma (BAG) para conservação de genes da espécie *S. tuberosum*, assim como de espécies silvestres nativas do Brasil. Dessa forma nosso objetivo é avaliar os acessos silvestres de batata do BAG por meio da caracterização morfológica avaliando o grau de diversidade genética existente favorecendo a escolha dos melhores progenitores com potencialidade de uso atual ou futuro. Foram cultivados 78 acessos de batata silvestre do BAG de Batata da Embrapa Clima Temperado, com duas repetições para plântulas oriundas de cultura de tecidos e três repetições para tubérculos, totalizando 194 plantas. Foram utilizados 22 descritores morfológicos qualitativos multicategóricos aplicados por meio de formulários, além do registro de dados sobre fenologia, fotografia detalhada dos acessos plantados e coleta de amostras para a preparação de exsiccatas. A divergência genética entre os acessos foi estimada pelo índice:  $D_{ij} = 1 - [(C) / (C + D)]$ , em que  $D_{ij}$  é a distância entre os genótipos  $i$  e  $j$ ,  $C$  é o total de concordância para as variáveis avaliadas e  $D$  é o total de discordância. Com base no índice de dissimilaridade os acessos foram agrupados pelo método UPGMA. O diagrama gerado com distância euclidiana, método average, correlação cofenética: 0.9152, realizou o agrupamento dos 78 acessos caracterizados formando oito grupos distintos. Analisando os grupos gerados foi possível identificar características fenotípicas com potencial de uso no melhoramento. Os grupos 1 e 6 correspondem a acessos com cor secundária de tubérculo (roxo ou rosa), devido à presença de antocianinas, um flavonóide que protege a planta, e atua na prevenção de doenças cardiovasculares, do câncer e doenças neurodegenerativas no ser humano. Através da caracterização verificamos grande variação fenotípica quanto ao formato e coloração da corola em flores, sendo que o grupo 8 agrupou genótipos com coloração branca e formato variando desde estrelada, semi-estrelada a pentagonal. Enquanto os acessos do grupo 4 apresentaram flores brancas com cor secundária violeta distribuída em ambos os lados da flor, caracterizando uma potencialidade de uso ornamental. Apesar da ocorrência de diversidade fenotípica é necessário o incremento de variabilidade por meio de novas coletas, além da aplicação de outros métodos de caracterização para aperfeiçoar o uso dos recursos genéticos conservados.

**Palavras-chave:** melhoramento genético; parentes silvestres; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** CAPES/Embrapa; Global Crop Diversity Trust.