

Seleção assistida por marcadores para caracteres de qualidade em programa de melhoramento de batata-doce da Embrapa

Baptista, J. P. C.*¹, Santos, A. S.^{2,3}, Adelino, V. R.^{2,4}, Chaves, S.¹, Pilon, L.², Vendrame, L. P. C², Pereira, G. S.⁵

¹ Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura 'Luiz de Queiroz', Universidade de São Paulo. Piracicaba, São Paulo.

² Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Hortaliças. Brasília, Distrito Federal.

³ Instituto Federal Goiano, Campus Rio Verde. Rio Verde, Goiás.

⁴ Universidade Federal de Goiás, Campus Samambaia. Goiânia, Goiás.

⁵ Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, Minas Gerais.

*Corresponding author: julia.baptista@usp.br (ORCID: 0009-0007-5050-3713)

A batata-doce é uma cultura estratégica para segurança alimentar em países em desenvolvimento diante das mudanças climáticas e do crescimento populacional. Suas raízes fornecem, além de carboidratos, fibras, proteínas, minerais e vitaminas. Características como cor da casca, cor da polpa e teor de matéria seca influenciam as preferências dos consumidores, o valor agregado do produto, e os aspectos nutricionais. A polpa alaranjada está associada à presença de carotenoides (pró-vitamina A), enquanto um elevado teor de matéria seca reflete maior conteúdo de amido. A seleção assistida por marcadores (SAM) pode elevar os ganhos genéticos de programas de melhoramento, permitindo a seleção precoce de clones com características desejáveis. A espécie, que é autohexaploide ($2n = 6x = 90$) e alógama, possui genoma extenso e elevada heterozigosidade, o que torna complexa a aplicação de ferramentas genético-estatísticas de SAM. Diante disso, este trabalho visou testar 20 polimorfismos de único nucleotídeo (SNPs) validados em populações africanas e americanas de melhoramento. Um total de 376 genótipos de batata-doce da Embrapa Hortaliças foi genotipado por reação em cadeia da polimerase competitiva alelo-específica (KASP), cujas doses alélicas (variando de 0 a 6) foram estimadas (fitPoly v3.0.0). Dados fenotípicos foram obtidos para os caracteres cor da casca, cor da polpa e teor de matéria seca em 103 clones e 5 testemunhas. Cor da casca e cor da polpa foram avaliadas por meio de colorimetria, a qual possibilitou o cálculo do ângulo hue ($^{\circ}h$), que representa a matiz de cor. Já o teor de matéria seca foi determinado pelo método gravimétrico, por secagem em estufa com circulação e renovação de ar até peso constante. Modelos de regressão linear simples para efeitos aditivos e de dominância testaram a associação entre genótipo como variável preditora e o fenótipo como variável resposta. Para o $^{\circ}h$ da cor da casca, os valores de p variaram entre 0,014 e 0,80, no modelo aditivo, e 0,085 a 0,85 nos modelos de dominância. No caso da variável $^{\circ}h$ para cor da polpa, os valores de p variaram de 0,0049 a 1 no modelo aditivo, e 0,00057 a 0,98 nos modelos de dominância. Já para a matéria seca, os valores variaram de 0,025 a 1 no modelo aditivo, e 0,053 a 0,9 nos modelos de dominância. Para todas as características, os coeficientes de determinação (R^2) foram relativamente pequenos (máximo = 21%). Os resultados obtidos neste estudo evidenciam que os marcadores não foram adequados para capturar a variação genética dos caracteres de qualidade na presente população. Sugere-se, portanto, que novos estudos genéticos são necessários para providenciar alelos-alvo em *background* genético de programas de melhoramento brasileiros.

Keywords: *Ipomoea batatas*, SNP, poliploides, SAM, qualidade.

Financial support: Embrapa Hortaliças, FAP-DF, FAPEMIG, CNPq e CAPES.

Core area: Biometria, estatística e genética quantitativa.