

**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Caracterização molecular de germoplasma de batata (*Solanum
tuberosum* L.) por microssatélites**

Patrícia Favoretto

Tese apresentada para a obtenção do título de Doutor
em Agronomia. Área de concentração: Fitotecnia

**Piracicaba
2009**

Patrícia Favoretto
Engenheiro Agrônomo

**Caracterização molecular de germoplasma de batata (*Solanum tuberosum* L.) por
microsatélites**

Orientador:
Prof. Dr. **PAULO CÉSAR TAVARES DE MELO**
Co-orientador:
Prof^a Dr^a **ELIZABETH ANN VEASEY**

Tese apresentada para a obtenção do título de Doutor em
Agronomia. Área de concentração: Fitotecnia

**Piracicaba
2009**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP**

Favoretto, Patrícia

Caracterização molecular de germoplasma de batata (*Solanum tuberosum* L.) por
microsatélites / Patrícia Favoretto. - - Piracicaba, 2009.
120 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2009.
Bibliografia.

1. Batata 2. Germoplasma vegetal 3. Marcador molecular 4. Melhoramento genético
vegetal 5. Variação genética I. Título

CDD 633.491
F275c

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

A Deus por estar presente em todos os momentos da minha vida acima de tudo,

AGRADEÇO

À minha mãe *Cida* e meu pai *Dinho*,

Pela minha formação e razão da minha existência,

pelos valores, princípios e amor incondicional.

Ao meu irmão *Nenê* por ter um coração tão generoso,

A minha irmã *Tatinha* pela determinação e todo o incentivo,

A minha irmã metade *Cris* por ser sempre mais...

A minha cunhada *Poliana* por todo o carinho.

Aos meus sobrinhos, verdadeiros anjos em minha vida:

Mazoca, Biba, Pê, Poka, Vi, Tico, Teco e Toinho,

por conservarem em mim a pureza e a alegria de ser como criança.

Ao meu amor *José Paulo "Zepa"* por todo o amor e

por ser a melhor parte dos meus dias.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Paulo César Tavares de Melo, pela oportunidade, respeito, apoio, confiança e principalmente pela sinceridade em todos os momentos. .

À Prof^a. Dr^a. Elizabeth Ann Veasey, pelas valiosas colaborações e sugestões para a realização deste trabalho, não tenho palavras para expressar a minha gratidão.

Aos demais professores do Departamento de Produção Vegetal, pelas oportunidades e apoio durante todo o curso de pós-graduação.

Ao professor Manuel Pedro Salema Fevereiro do Laboratory of Plant Cell Biotechnology, ITQB/IBET, por toda a atenção e orientação durante o estágio realizado em Portugal.

Ao Eng^o Agr^o Pedro Candido Rytsi Hayashi, "Pedrinho", pelo material concedido, pela colaboração, por toda a confiança e principalmente pela grande amizade.

Ao pesquisador Dr. Ossami Furomoto da Embrapa – CNPH, pelo material concedido, pelos conselhos preciosos e especialmente pela amizade estabelecida.

Ao pesquisador Joaquim Gonçalves de Pádua pelo material fornecido, por toda a atenção e confiança.

Ao pesquisador Paulo Eduardo de Melo da Embrapa – CNPH, pelo material fornecido e pela colaboração.

Ao Eng^o Agr^o MSc Fabrício Rossi, pelo material concedido, pela ajuda, por toda a atenção e confiança.

A pesquisadora Maria Imaculada Zucchi pela paciência e auxílio nas análises estatísticas.

A Dra Gláucia Regina Anti pela amizade inestimável e apoio imprescindível nos momentos mais importantes.

A pesquisadora Eliane Gomes Fabri pela grande amizade e por estar presente durante todos esses anos de pesquisa.

A secretaria de Pós-Graduação do Programa de Fitotecnia Luciane Aparecida Lopes Toledo pela paciência, dedicação e amizade conquistada.

Aos amigos do Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada (LEEGA): Aline, Gustavo, Marcos, Eduardo, Bere, Patrícia, Dani, Thiago, Lidi e Gabriel pela amizade e deliciosa convivência.

Aos funcionários do Departamento de Genética em especial Carlão e Ronaldo.

Aos funcionarios da biblioteca central em especial à Eliana e Silvia, pela dedicação, carinho e amizade nos momentos únicos.

A todos os amigos do Laboratory of Plant Cell Biotechnology, ITQB/IBET, em especial Rita Caré e Mara Alves por toda a atenção, o apoio e a amizade indescrivíveis durante o estágio realizado em Portugal, minha eterna gratidão.

A CAPES pela bolsa concedida durante o curso de doutorado.

Ao SANTANDER UNIVERSIDADES pelo auxílio concedido pelo Programa de Mobilidade Internacional para a realização do estágio no exterior.

A todos aqueles que direta ou indiretamente colaboraram comigo na realização deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT	11
1 INTRODUÇÃO	13
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	17
2.1 Origem, domesticação e evolução.....	17
2.2 Dispersão mundial.....	23
2.3 Importância socioeconômica	24
2.4 Botânica	27
2.5 Diversidade e Melhoramento Genético	29
2.6 Marcadores Moleculares	37
3 MATERIAL E MÉTODOS	41
3.1 Material	41
3.2 Extração do DNA	47
3.2.1 Quantificação do DNA	48
3.2.2 Reações de amplificação em termociclador	49
3.3 Análise estatística	52
4 RESULTATOS E DISCUSSÃO	55
4.1 Análise dos marcadores SSR	55
5 CONCLUSÕES	77
REFERÊNCIAS	79
ANEXOS	89

RESUMO

Caracterização molecular de germoplasma de batata (*Solanum tuberosum* L.) por microssatélites

A cultura da batata (*Solanum tuberosum* L) está se tornando cada vez mais importante, tanto do ponto de vista dos produtores, dos pesquisadores e dos consumidores, por ser um dos alimentos protéicos mais consumidos em todo o mundo, entretanto, o Brasil depende de variedades importadas, originárias de clima temperado o que não condiz com as nossas condições, refletindo assim em valores inferiores de produtividade e de qualidade. Apesar da grande evolução que esta cultura apresentou em todos estes anos de cultivo se faz necessário a busca por materiais mais produtivos, adaptados e resistentes. Os programas de melhoramento convencionais são extremamente importantes para a seleção de novos progenitores, entretanto o tempo gasto para desenvolver e lançar uma variedade é bastante longo. Diante deste cenário, novas metodologias estão sendo cada vez mais utilizadas no processo de identificação de bancos de germoplasma e cultivares mais promissoras. O objetivo deste trabalho foi avaliar, por meio de marcadores microssatélites, 108 acessos de batata de cinco coleções contendo variedades comerciais, clones para programas de melhoramento e cultivo orgânico, visando a caracterização genética, a identificação de duplicatas e de possíveis parentais para uso nos programas de melhoramento. Para a caracterização molecular foram utilizados 10 iniciadores específicos (*primers*), gerando-se um total de 50 alelos (bandas) os quais foram analisados como dados binários, sendo que a partir destes dados foi obtida uma matriz de similaridade utilizando o coeficiente de similaridade de Jaccard. Com este coeficiente e com o método aglomerativo UPGMA, foram realizadas análises de agrupamento utilizando o software NTSYSpc e um método de reamostragens (*bootstraps*), gerando dendrogramas que permitiram a distinção genética entre os acessos. O conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) e a heterozigidade esperada (*He*) foram significativos, sendo que os maiores valores foram 0,8594 e 0,8725, respectivamente, para o *primer* STM0019a. Em média, o número de alelos por loco foi cinco, variando de dois alelos para os *primers* STM 1053 e STM 1104 até 13 alelos por loco para o *primer* STM0019a. Para facilitar a visualização dos resultados, além de serem avaliados como um todo os 108 acessos foram divididos em grupos de acordo com as coleções (variedades comerciais, clones e cultivo orgânico), sendo que a maior variação pelo coeficiente de Jaccard foi de 0,39 a 0,93 para 57 acessos das coleções de cultivares orgânicos e comerciais. Ao se avaliar os 108 acessos juntos, o coeficiente de Jaccard variou de 0,42 a 0,93, mostrando a grande variabilidade genética entre os acessos das cinco coleções. Foram observadas seis possíveis duplicatas [ATLANTIC (Canadá) e ATLANTIC (Chile); 67-2 e 17-10 (clones CNPH¹); COLORADO e ÁGATA (EPAMIG); 253 E 266 (clones CNPH²); MELODY e APTA 21-54 (cultivo orgânico); e 387-1 (E1) e VOYAGER], identificando-se também os acessos mais distantes geneticamente [clone 383-19 (Embrapa–CNPH¹) e a cultivar comercial HPC-7B], permitindo desta forma a identificação de possíveis parentais para os programas de melhoramento. Os altos níveis de polimorfismo observados para

Solanum tuberosum sugerem que os marcadores microssatélites podem ser uma ferramenta útil para detectar as diferenças genéticas entre cultivares de batata.

Palavras-chave: Bancos de germoplasma; Diversidade genética; Microssatélites, *Solanum tuberosum*

ABSTRACT

Molecular characterization of commercial cultivars of potato using SSR markers

The cultivation of potato (*Solanum tuberosum* L) is becoming increasingly important from the point of view of producers, researchers and consumers, for representing one of the food protein mostly consumed in the world. However, Brazil depends on imported varieties, originated from temperate climate which does not complies with our conditions, thus reflecting in lower productivity and quality. Despite the great progress that this crop presented in all these years of cultivation, it is necessary to search for more productive, adapted and resistant materials. The conventional breeding programs are important for the selection of new parents, but the time spent to develop and launch a new variety is quite long. In this scenario, new approaches are being increasingly used in the identification of germplasm banks and most promising cultivars. The objective of this study was to evaluate, using microsatellite markers, 108 accessions of five potato collections containing commercial varieties, clones for breeding programs and organic farming varieties, aiming at the genetic characterization, identification of duplicates and possible parents to be used in potato breeding programs. For the molecular characterization, 10 specific primers were used, generating a total of 50 alleles (bands) which were analyzed as binary data, and from this data a similarity matrix was obtained using the Jaccard coefficient of similarity. With this coefficient and the UPGMA method, cluster analysis were carried out using the NTSYSpc software and bootstraps analyses, generating dendrograms which allowed the genetic distinction between accessions. The polymorphism information content (PIC) and expected heterozygosity (H_e) were both significant, with the highest values (0.8594 and 0.8725, respectively) obtained for primer STM0019a. On average, the number of alleles per locus was five, ranging from two alleles for primers STM 1053 and STM 1104 to 13 alleles per locus for primer STM0019a. To facilitate the visualization of the results, in addition to being evaluated as a whole, the 108 accessions were divided into groups according to the collections (commercial varieties, clones and organic farming), where the highest variation for the Jaccard coefficient (0.39 - 0.93) was found for the 57 accessions of organic and commercial cultivars collections. When assessing the 108 accessions together, the Jaccard coefficient ranged from 0.42 to 0.93, showing a high genetic variability between accessions of the five collections. Six possible duplicates were found [ATLANTIC (Canada) and ATLANTIC (Chile); 67-2 and 17-10 (clones CNPH¹); Color and AGATE (EPAMIG); 253 E 266 (clones CNPH²); MELODY and APTA 21-54 (organic farming); and 387-1 (E1) and VOYAGER], and also the more genetically distant accessions [clone 383-19 (Embrapa–CNPH¹) and the commercial cultivar HPC-7B] were identified, thereby enabling the identification of potential parents for breeding programs. High levels of polymorphism observed for *Solanum tuberosum* suggest that microsatellite markers can be a useful tool to detect the genetic differences between potato cultivars.

Keywords: Germplasm banks; Genetic diversity; Microsatellites; *Solanum tuberosum*

1 INTRODUÇÃO

Há poucos alimentos mais importantes no mundo que a batata (*Solanum tuberosum* L.). A sua história remonta aos primórdios do homem, um passado caracterizado tanto pela abundância como pela fome. Desempenhou durante muito tempo, o papel vital da melhor e da mais completa fonte de alimentação para a humanidade, continuando a desempenhá-lo no futuro. Atualmente, a batata constitui o alimento essencial para dois terços da população mundial e é a terceira mais importante das culturas alimentares do Reino Unido. É a melhor e mais completa fonte de nutrição que se conhece. A cultura da batata é também a mais eficiente forma mundial de conversão de terra, de água e de trabalho num produto comestível, um campo de batatas produz mais energia por hectare e por dia do que um campo de qualquer outra cultura.

A produtividade brasileira em 2008 foi de 3.636.419 toneladas, em uma área colhida de 144.400 hectares, em média 25,18 ton. ha⁻¹. Enquanto que, a produção mundial em 2007 foi de aproximadamente 325 milhões de toneladas em uma área colhida equivalente a 19.327.261 hectares. O consumo *per capita* do Brasil é pequeno, inferior a 15 kg.ano por habitante⁻¹, frente a 96 kg.ano por habitante⁻¹ da média europeia (FNP, 2009). A batata é o quarto principal cultivo destinado à alimentação humana. Na tentativa de alcançar as metas estabelecidas pela ONU para reduzir a fome no mundo até 2015, a FAO declarou 2008 como o ano internacional da batata. Pretende, dessa forma, estimular a produção, o consumo de tubérculo e chamar a atenção da comunidade científica e da população mundial da importância que este alimento apresenta para a humanidade.

A batata é uma hortaliça de propagação vegetativa e, comercialmente, o plantio é feito a partir de tubérculos, este fato é de grande importância para a fixação do conteúdo genético das plantas, pois possibilita a formação de clones. Um conjunto de indivíduos geneticamente uniformes, derivado de uma só planta e que se propaga de modo exclusivo por meios vegetativos é definido como um clone. Plantas de um mesmo clone são, portanto, geneticamente idênticas entre si e à planta que lhes deu origem. (VALOIS et.al., 2001). Portanto qualquer combinação de fatores genéticos que propiciem um genótipo superior pode ser perpetuada pela propagação clonal,

representando grande vantagem ao melhoramento genético (TAI; YOUNG, 1984). Entretanto, a necessidade de manutenção de plantas livres de vírus, em todas as fases de seleção e multiplicação dos clones, representa a maior desvantagem da propagação vegetativa. Plantas de uma cultivar são homogêneas, devido à multiplicação vegetativa, e heterozigota, devido à origem de um indivíduo heterozigoto. Vigor e potencial produtivo dos genótipos são relacionados ao grau de heterozigose (PEREIRA, 2003).

Os programas de melhoramento genético contam com ferramentas cada vez mais atualizadas, tornando a busca por materiais mais resistentes, produtivos e adaptados ao nosso clima, mais rápida e eficaz. A biotecnologia está presente em praticamente todos os segmentos, destacando-se em diversas culturas, na cultura da batata pode ser aplicada ao sistema de proteção de cultivares, na produção de batata-semente e no desenvolvimento de novas variedades.

A caracterização molecular é uma das ferramentas da biotecnologia que auxilia, de forma notável, os programas de melhoramento em um período de tempo consideravelmente menor, comparado aos métodos tradicionais de melhoramento genético. As análises dos indivíduos, acessos, apresentam informações em nível molecular, os dados são confiáveis e precisos. A tendência geral no melhoramento genético é a integração das técnicas clássicas com as da Biotecnologia. Neste contexto, a tecnologia dos marcadores de DNA, utilizando marcadores do tipo microssatélites (SSRs) na caracterização molecular, pode contribuir significativamente para o conhecimento básico da cultura da batata e do caráter estudado, bem como a geração e o desenvolvimento de produtos melhorados.

O melhoramento, por sua vez, está intimamente correlacionado com a variabilidade genética, que tem papel fundamental nos programas de cruzamento e seleção de genótipos melhorados. O estudo da diversidade genética entre acessos de bancos de germoplasma fornece informações de potenciais genitores a serem utilizados em programas de melhoramento, além do fato de que a própria caracterização dos acessos possibilita a identificação de duplicatas e o intercâmbio de germoplasma entre pesquisadores. A forma preditiva de determinar a divergência genética apresenta como principal vantagem o fato de não ser necessária a obtenção prévia de combinações híbridas, como ocorre em dialelos (COIMBRA et al., 2001).

O objetivo deste estudo foi caracterizar a nível molecular os materiais de diversas variedades de batata provenientes de coleções distintas de algumas regiões do Brasil, utilizando marcadores moleculares co-dominantes (microsatélites) para auxiliar nos programas de melhoramento genético e verificar a divergência genética dentro e entre as coleções de modo a evitar sinonímias.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Origem, domesticação e evolução

O centro de diversidade de batatas selvagens produtoras de tubérculo situa-se na América Latina, que também é considerado o centro de origem. Foram os Incas e outras civilizações que habitavam o altiplano da Cordilheira Central dos Andes que durante oito milênios, desenvolveram a bataticultura, utilizando espécies autóctones. A batata era a base da alimentação dessas civilizações, sendo chamada de "*papa*" na língua quechua. Assim, foram selecionados tipos variados para os diversos usos na alimentação, e ainda hoje centenas de tipos primitivos ou *landraces*, designadas de *papa andina*, são cultivadas em pequenas áreas pelos camponeses andinos.

A forma predominantemente cultivada de batata em todo o mundo, *Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum*, é um tetraplóide $2n=2x=48$. Classificações recentes colocam-na na Seção Petota, subseção *Potatoe*. Essa subseção compreende 18 séries, pertencendo à batata cultivada à série *Tuberosa*. Para a série tuberosa (à qual pertence *S. tuberosum*) e mais outras séries dentro da subseção *potatoe*, existem dois centros de diversidade. Um deles é uma longa extensão de área nos Andes que se estende da Venezuela, Colômbia, Equador, Perú, Bolívia até a Argentina. O outro se localiza na região central do México. A área de distribuição desses tipos silvestres de batata é muito mais ampla se estendendo desde o sudoeste dos Estados Unidos até o sul da Argentina e do Chile (HAWKES, 1990).

Geralmente as espécies cultivadas de *Solanum* são também encontradas dentro dos centros de diversidade para os seus ancestrais selvagens. A exceção é a forma diplóide cultivada de *Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*, que só é encontrada em uma área do sudoeste do Chile. O tetraplóide cultivado *Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*, tal como é conhecida na Europa e em outras partes do mundo, é considerado como uma seleção originada a partir de uma pequena introdução de tubérculos de *S. tuberosum* subsp. *andigena* procedente provavelmente da Colômbia e Peru, e, como tal, tem uma base genética muito estreita. Os argumentos para essa tese é que as plantas introduzidas originalmente na Europa são conhecidas por apresentarem florescimento e tuberização tardios, e a descrição morfológica dessas

cultivares de batata corresponde ao tipo *andigena* (HOWARD, 1970). Por meio de seleção, essa introdução foi adaptada para tubular sob condições de comprimento de dia mais longo e diferentes condições ambientais da Europa. Simmonds (1996) mostrou que essa transição pode ocorrer em um prazo relativamente curto de aproximadamente dez anos de seleção. Da Europa, esse novo tipo de batata foi disseminado por todo o mundo como o tipo cultivado dessa hortaliça. Outra teoria é que, após a epidemia de requeima que dizimou as lavouras de batata na Europa na década de 1840, foram introduzidos acessos de *S. tuberosum* subsp. *tuberosum* originários do Chile (HAWKES, 1990). É importante destacar que a batata cultivada deriva de ancestrais diplóides extremamente variáveis devido à hibridação, assegurada por um sistema gametofítico de auto-incompatibilidade e intolerância à auto-polinização. Por outro lado, os poliplóides são auto-compatíveis, frequentemente auto-polinizados e, por conseguinte, exibem menor variabilidade.

As evidências indicam que a domesticação da batata ocorreu na América do Sul há cerca de 2000 a 5000 AC, e o primeiro passo desse processo foi a seleção de diplóides livres de alcalóides e, portanto, comestíveis. A área de domesticação parece ter ocorrido às margens do lago Titicaca, num planalto a mais de 3000 m de altura em relação ao nível do mar, próximo à fronteira entre Peru e Bolívia, onde foram encontrados vestígios arqueológicos datados do ano 400.

A evolução primária da batata aconteceu ao nível diplóide, com um número cromossômico básico $x=12$. A poliploidia é um acontecimento secundário tendo tido, contudo, grande significado na evolução da espécie domesticada. Em *Solanum*, 74% das espécies de batatas são diplóides, 4,5% são triplóides e 11,5% são tetraplóides. As restantes são pentaplóides e hexaplóides. Assim, a espécies de batatas formam uma série euplóide de $2n=24$ ($x2$), 36 ($x3$), 48 ($x4$), 60 ($x5$) e 72 ($x6$).

Estudos mostram que a batata silvestre está distribuída por 16 países, entre as latitudes de 38° N e 41° S. No entanto, a riqueza dessas espécies é encontrada nas regiões montanhosas da América Central e do Sul. O maior número de espécies está no Peru, 93, seguido pela Bolívia, com 39 espécies, México, com 36, Argentina, com 28 e no Brasil foram observadas duas espécies: *S. commersonii* com as subespécies

commersonii e *malmeanum* e *S.chacoense* spp. *muelleri*. O Peru destaca-se por apresentar o maior número de espécies raras (HIJMANS; SPOONER, 2001).

O gênero *Solanum* possui aproximadamente 2000 espécies, das quais pouco mais de 150 formadoras de tubérculos, no seu Centro de Origem e Especificação, a região Andina da América do sul, apenas oito são cultivadas (HAWKES, 1990). Entre as oito espécies existe uma variação de caracteres, como adaptação ambiental e resistência a pragas e doenças, e uma enorme variedade de sabor, cor, textura, etc., nas diferentes variedades que estas espécies possuem. Ainda assim, apenas uma espécie, *S. tuberosum* ssp. *tuberosum*, é cultivada nos países ocidentais embora as variedades modernas incorporem genes das outras espécies. O ponto importante a reter é que existe um grande potencial para a domesticação de espécies adicionais.

O centro de diversidade das batatas cultivadas formadoras de tubérculos na América do Sul e, conseqüentemente, o local de origem das primeiras batatas cultivadas, está nas proximidades do lago Titicaca, entre 20 e 30 graus de latitude e altitude entre 3000 e 4600 metros. Existe um centro secundário de diversidade das batatas cultivadas no sul da América do Sul, particularmente no Chile (BUKASOV 1971, 1966, citados por GRUN, 1990).

Grun (1990) considera a evolução das batatas cultivadas como uma série de etapas separadas iniciadas no centro gênico dos Andes. Para as espécies diplóides cultivadas no norte dos Andes, inicialmente o homem teria reunido tubérculos de espécies selvagens a partir do complexo *brevicaule*, e estes se tornaram mais tarde a base para os campos de plantações de *S. phureja* e *S. stenotomum* selecionados durante a domesticação. *S. stenotomum* tem adaptação a grandes altitudes e dormência do tubérculo que permitiria o estoque no inverno. *S. phureja* cresce bem em baixas altitudes, onde seu rápido brotamento permitira dois ou mais ciclos por ano. Para regiões mais ao sul, o nordeste da Argentina especialmente, espécies selvagens diplóides, e ocasionalmente tetraplóides formando o complexo *S. vernei* teria servido de base para a domesticação das espécies cultivadas.

Com relação à evolução dos cultivares tetraplóides, *S. tuberosum* spp. *andigena*, esta pode ter iniciado a mais de 9000 anos atrás (ENGEL, 1970). Existem duas hipóteses para os possíveis ancestrais diplóides de *S. tuberosum* ssp. *andigena*. A

primeira se baseia no fato de nenhuma forma selvagem relacionada ter sido identificada sugerindo que tenha evoluído durante o cultivo. A principal espécie cotada para ser um dos parentais da ssp. *andigena* é uma espécie cultivada no norte dos Andes, *S. stenotomum*, que é muito similar a ssp. *andigena* morfológicamente, mas diferem para o tipo e tamanho do cálice. Assim, se *S. stenotomum* for um parental de ssp. *andigena*, algum outro parental deve ter contribuído para o tipo de cálice presente na maioria dos clones de ssp. *andigena*. O candidato seria *S. sparsipilum*, comumente encontrado na região (HAWKES, 1956) citado por Sukhotu e Hosaka (2006).

A segunda hipótese é que *S. verney* foi o ancestral de ssp. *andigena* (BRÜCHER, 1964). *S. verney* possui cálice actinomorfo, morfológicamente igual ao usual em ssp. *andigena*. *S. verney* autopoliplóides são cultivados pelos índios no nordeste da Argentina e poderiam, em aspectos morfológicos, terem servido tão bem quanto as outras espécies sugeridas para a formação da ssp. *andigena* (GRUN, 1979). Estas hipóteses foram baseadas na evolução a partir de ancestrais diplóides para o surgimento da ssp. *andigena*. Isto, devido a não identificação de nenhum ancestral poliplóide amplamente distribuído. No entanto, a ssp. *andigena* é composta por variedades tradicionais tetraplóides. Uma vez que a ssp. *andigena* tenha se tornado tetraplóide, ela poderia ter absorvido genes via introgressão a partir de qualquer espécie, selvagem ou cultivada, com que ela pudesse se cruzar (GRUN, 1990).

Com relação à *Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum*, algumas vias têm sido propostas para a sua evolução. Esta subespécie tem sido cultivada desde eras pré-históricas nas costas sul do Chile (GRUN, 1990) e se dispersou por todo o mundo a partir do final do século XIV. Similaridades morfológicas entre as duas subespécies, ssp. *andigena* e ssp. *tuberosum*, levaram à sugestão que a ssp. *tuberosum* evoluíra por seleção dentro da ssp. *andigena*, uma primeira vez no sul da América do Sul para dar origem à ssp. *tuberosum* do Chile, e uma segunda vez no norte da Europa, originando a batata cultivada e distribuída por todo o mundo (CRIBB; HAWKES 1986).

As primeiras evidências históricas e o fenótipo original de *S. tuberosum*, determinados a partir de herbários iniciais de folhas, suportam a crença de que as batatas introduzidas na Europa no século XVI foram ssp. *andigena*. Somente no início do século XIV que algumas plantas foram introduzidas a partir do Chile, provavelmente

ssp. *tuberosum*. No entanto, estudos realizados por Spooner et al. (2005) têm proposto uma origem única para *S. tuberosum* a partir de uma espécie do sul do Peru. Eles se basearam em dados de 438 marcadores moleculares do tipo AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), que foram utilizados para fazer uma análise filogenética em um conjunto de 362 genótipos, sendo 261 selvagens e 98 variedades tradicionais de batatas (solanáceas formadoras de tubérculos) e três outras solanáceas não formadoras de tubérculos. Eles suportam a hipótese de dois clados no complexo *S. brevicaule*, um no norte (Peru) e um no sul (Bolívia e Argentina), e consideram a necessidade de diminuição das espécies do complexo, além de proporem a origem monofilética das variedades tradicionais cultivadas de batata a partir do componente norte deste complexo (Peru).

Tudo indica que a domesticação da batata ocorreu na América do Sul cerca de 2000 a 5000 AC, tendo sido o primeiro passo dessa domesticação a seleção de diplóides livres de alcalóides e, portanto, comestíveis. A área de domesticação parece ter sido o planalto da Bolívia-Perú, perto do lago Titicaca, mas os registros arqueológicos são muito pobres devido à falta de materiais, já que os altos níveis de umidade não favorecem a conservação dos órgãos vegetais (PALMA, 2009). Originária de clima temperado, a cultura da batata adaptou-se às condições climáticas de nosso país de clima tropical, graças aos trabalhos de pesquisa e desenvolvimento, principalmente na área de melhoramento genético.

As espécies cultivadas são:

Diplóides:

- 1) *S. goniocalyx*: flores brancas, tubérculo amarelo claro; cultivada na região andina do Centro do Peru.
- 2) *S. phureja*: ausência de dormência, altamente variável; cultivada desde a Venezuela ao Norte da Argentina, em áreas sem geadas ou gelo, em altitude e em terrenos muito úmidos.
- 3) *S. stenotomum*: cultivada do Centro do Peru ao Centro da Bolívia; cultivada em altitude, apresenta formas resistentes à geada.

4) *S. ajanhuiri*: provavelmente um híbrido entre *S. magistacrolobum* x *S. stenotomum* (alternativamente poderá ser um híbrido entre *S. phureja* x *S. stenotomum*). Como *S. stenotomum*, cresce em grandes altitudes no Sul dos Andes peruanos e Nordeste da Bolívia, sendo resistente à geada.

Triplóides:

1) *S. x chaucha*: resultado da hibridação de *S. tuberosum* com *S. stenotomum*. Cresce em altitude desde o centro do Peru à Bolívia.

2) *S. x juzepczukii*: é um alotriplóide de *S. acaule*, uma espécie silvestre tetraplóide, e *S. stenotomum*. Cresce do Centro do Peru ao Sul da Bolívia a 4000 m de altitude. Espécie resistente à geada, é amarga devido ao seu teor em alcalóides.

Tetraplóides:

1) *S. tuberosum* ssp. *andigena*: possivelmente derivada do cruzamento de *S. stenotomum* com o diplóide silvestre *S. sparsipilum*. Adaptada a grandes altitudes e a dias curtos, cresce nos Andes desde a Venezuela ao Noroeste da Argentina.

2) *S. tuberosum* ssp. *tuberosum*: derivada da seleção da ssp. *andigena* ou resultado da introgressão de várias espécies silvestres. Esta subespécie encontra-se adaptada a dias longos e regiões litorâneas.

Pentaplóides:

1) *S. x curtilobum*: resultado da hibridação de *S. tuberosum* (x4, *andigena*) com *S. juzepczukii* (3x). Encontra-se cerca dos 5000 m, desde o Centro do Peru até ao Sudoeste da Bolívia e é capaz de resistir a muito baixas temperaturas.

Não existem hexaplóides cultivados, entretanto *S. demissum*, endêmica do México, deve ser referenciada como uma útil fonte para resistência a *Phytophthora infestans*. As espécies cultivadas apresentam diversos níveis de ploidia, mas apenas a espécie tetraplóide *S. tuberosum* spp. *tuberosum* é que apresenta importância econômica no mundo inteiro. As espécies diplóides, cultivadas ou não, são de interesse dos melhoristas, pois estas apresentam genes para resistência a pragas e patógenos e são adaptadas a estresses ambientais (PINTO, 1999).

Verifica-se que uma rede de espécies cultivadas, que evoluíram principalmente na parte central dos Andes do Peru e da Bolívia, envolveu quatro espécies silvestres. Duas destas espécies têm sido confinadas à parte central. Contudo, a diplóide *S.*

phureja tem se estendido em direção ao norte do Equador, Colômbia e Venezuela, enquanto a tetraplóide *S. tuberosum* espalhou-se também para o sul do Chile (HAWKES, 1990).

A evolução primária da batata ocorreu ao nível diplóide, com um número cromossômico básico $x = 12$. A poliploidia é um acontecimento secundário tendo tido, contudo, grande significado na evolução da espécie domesticada (HAWKES, 1994). Essas espécies ocorrem em cinco grupos citológicos que variam do diplóide ($2x = 24$) ao hexaplóide ($6x = 72$). Em *Solanum*, 74% das espécies de batatas são diplóides; 4,5% são triplóides; 11,5% são tetraplóides; 2,5% são pentaplóides; 5% são hexaplóides e 2,5% contêm diversas ploidias (HAWKES, 1978). A natureza tetraplóide ($2n=4x=48$ cromossomos) da principal espécie cultivada comercialmente (*S. tuberosum* ssp. *tuberosum*), com herança tetrassômica e multialelismo como determinantes básicos de desempenho, e o modo vegetativo de propagação tornam o seu melhoramento genético complexo, com grande demanda de tempo e energia (LOON, 1987). O intercruzamento entre pais altamente heterozigotos implica a combinação de gametas de duas populações heterogêneas. Uma cultivar moderna precisa combinar mais de 50 características, tendo a maioria herança poligênica (ROSS, 1986).

2.2 Dispersão Mundial

A primeira informação registrada acerca da batata foi relatada pelo conquistador espanhol Pedro Cieza de León, em 1553. Mas, somente em 1565 os invasores espanhóis levaram os primeiros tubérculos da *papa andina* para a Europa, via Ihas Canárias. Nova introdução, dessa vez na Espanha continental, ocorreu em 1573. Entretanto, mais de um século depois de sua introdução no continente europeu, a batata era apenas uma mera curiosidade. A primeira descrição e ilustração da batateira aparece na obra “*História de plantas raras*”, de 1601, do botânico Charles de L’Écluse.

A partir da introdução na Europa, a batata sofreu importante mudança adaptativa em relação a sua região de origem e domesticação. As cultivares foram selecionadas para capacidade de tuberização em dias longos e temperatura amena.

A batata foi introduzida na Espanha entre os anos 1565-1570 e foi disseminada pelo continente europeu, de onde se espalhou para outras partes do mundo.

Provavelmente, a batata chegou à Inglaterra em 1590 (HAWKES, 1990) e adaptou-se facilmente à Escócia e à Irlanda. Hawkes, também menciona que na América do Norte, a batata foi introduzida a partir das Bermudas, em 1621, onde foi cultivada após uma importação inicial da Inglaterra em 1613. Mas, somente passou a ser cultivada em larga extensão a partir de 1719 depois de os imigrantes irlandeses a terem levado para Londonderry, New Hampshire (BARKER, 2002).

Em finais do século XVIII, a batata tornou-se uma cultura bastante importante, particularmente na Alemanha e Inglaterra. A Irlanda é considerada o principal centro difusor da cultura, onde os camponeses irlandeses consumiam diariamente uma média de 200 kg per capita/ano de batatas, representando 80% da base de sua dieta. Além disso, a batata servia de ração para as suas criações, as quais lhe forneciam leite, carne e ovos. Essa dependência total da batata como recurso alimentar mostrou-se desastrosa para os irlandeses. Na década de 1840 do século XIX morreram cerca de um milhão de irlandeses quando ocorreu o desastre denominado de Fome Irlandesa da Batata associada à incidência da requeima causada *Phytophthora infestans* por três anos sucessivos nas lavouras de batata. O receio de um novo desastre, motivado pela doença, no que se refere ao cultivo, aliado à revalorização do seu valor culinário, veio fomentar, por toda a Europa, um interesse intenso em melhorar as variedades de batatas. O International Potato Show, no London's Alexandra Palace, em 1879, celebrou-se por ter apresentado centenas de variedades de batatas na exposição. Na viragem do século, a batata era aceita como uma cultura vegetal essencial e exportada para a Europa (BARKER, 2002).

2.3 Importância socioeconômica

A batata em nível mundial, em ordem de importância econômica, é a quarta cultura agrícola, sendo plantada em pelo menos 125 países e consumida por mais de um bilhão de pessoas em todo o mundo (PASTORINI et al., 2003). A batata cresce em cerca de 180 países, até uma altitude do nível do mar de 4300 metros, sob um leque de condições climáticas mais amplo do que qualquer outra planta alimentar. Amadurece também rapidamente, demorando o processo de 90 a 140 dias. Todavia, o conhecimento sobre cada cultivar é de suma importância para se tirar o máximo

proveito do potencial produtivo aliado a tecnologia. Atualmente, a produção em larga escala está se tornando cada vez mais mecanizada. Os profissionais da área estão se aprimorando a cada dia e a busca por novas tecnologias está se tornando uma constante, garantindo produtividade e qualidade do produto.

A cultura da batata em termos mundiais está passando por grandes mudanças. Até o início de 1990, a maioria foi cultivada e consumida na Europa, América do Norte e em países da antiga União Soviética. Desde então, tem havido um aumento na produção de batata e a procura na Ásia, África e América Latina, onde a produção subiu menos de 30 milhões de toneladas nos anos 60 para mais de 165 milhões de toneladas em 2007 (FAO, 2008).

O Brasil classifica-se como um dos maiores produtores de batata da América Latina, com uma colheita recorde em 2006 de cerca de 33,1 milhões de toneladas. Ao longo dos últimos 15 anos, a produção de batata cresceu em média 5% ao ano, e os rendimentos médios aumentaram de 14 para 22 toneladas por hectare. As maiores produtividades foram observadas nas regiões do sudeste e do sul com 1.962.045 e 1.188.416 toneladas respectivamente. De acordo com confronto das estimativas de janeiro e fevereiro de 2009 os dados atuais, apontam uma área total de 138.852 hectares e uma produção total de 3.438.825 toneladas, com um rendimento médio de 24,7 toneladas por hectare, apresentando uma variação positiva de 3,7% (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2009; FNP, 2009).

De acordo com a Associação Brasileira da Batata (ABBA, 2008), pesquisas realizadas pelo Centro Internacional da Batata (CIP, Peru), em todo o mundo, as pessoas irão comer mais batata até o ano 2020: na Europa 80 kg per capita, na Austrália, Nova Zelândia e América do Norte, 35-40 kg. A FAO (2008) revela que no ano de 2005, pela primeira vez, países em desenvolvimento ultrapassam a produção de países desenvolvidos.

Tanto do ponto de vista do produtor como do consumidor, a batata ocupa em muitos países um lugar de destaque, devido as suas múltiplas possibilidades de utilização e consumo. Pode ser preparada de inúmeras maneiras que se adaptam aos mais diversos climas, tradições étnicas e talentos culinários. A batata é um alimento

versátil e nutritivo, sua planta é multifacetada e interessante, apresenta ciclo curto e crescimento dinâmico, capaz de responder prontamente a qualquer tipo de tratamento.

O Brasil é um dos raros países onde se planta batata o ano todo, evitando a necessidade de armazenamento de material para consumo. A cadeia produtiva da batata envolve considerável volume de recursos e significativa mão-de-obra, estimando-se que inúmeras famílias ocupam-se diretamente da produção.

A batata é uma dos alimentos mais completos, sendo fonte de proteína de alta qualidade, vitaminas e sais minerais, além de proporcionar energia oriunda dos carboidratos. Com relação às vitaminas, a batata é considerada como sendo uma importante fonte de vitaminas para a nutrição humana, principalmente ácido ascórbico. As principais vitaminas do complexo B presentes são tiamina, riboflavina, niacina, piridoxina e ácido fólico (ABBA, 2008).

Em termos de nutrição, a batata é a mais importante fonte de vitamina C em grande parte do mundo, especialmente nos países mais pobres, onde existem poucos frutos e praticamente nenhum outro suplemento dietético. Difere de muitos vegetais, pois a batata inteira é comestível e nutritiva, fornece quantidades importantes de proteínas, vitaminas e minerais, além de ser uma fonte de fibra, elemento imprescindível numa dieta saudável. Rica em carboidratos, a batata é grande fonte de energia. Na última década, aliás, métodos avançados de análise de substâncias químicas passaram a detectar na batata uma porção de componentes altamente nutritivos, alguns até capazes de prevenir doenças. Uma dessas substâncias é a patatina, uma das proteínas mais abundantes na batata e que ajudaria a formar a membrana celular (PEGORIN, 2009).

Aproximadamente 75% ou mais da polpa da batata, é composta por água; grande parte do resto, 17% é amido, também conhecido por um complexo de hidrato de carbono. As recomendações normais da dieta ocidental sugerem que pelo menos 40% da nossa energia alimentar, o consumo total de calorias por dia, deve provir de alimentos feculentos como a batata. A batata possui igualmente 2,1% de proteína, 1,3% de fibra, boa quantidade de vitamina C, quase nenhuma gordura. As batatas novas têm um conteúdo particularmente elevado de vitamina C, por exemplo, 100 g podem oferecer 23% das nossas necessidades diárias. (BARKER, 2002)

2.4 Botânica

A batata é uma planta anual, herbácea com caules bastante ramificados, cuja forma varia com as diferentes cultivares, podendo ser ereta, aberta e decumbente. Suas folhas – simples e recortadas formam lóbulos – apresentam disposição alternada no caule; caracteriza-se ainda por formar um caule subterrâneo intumescido pela acumulação de reservas, denominado tubérculo, que é a parte comercializável, sendo também o órgão utilizado na propagação comercial (PÁRRAGA; CARDOSO, 1981).

Tem o nome botânico de *Solanum tuberosum*, da família das *Solanaceae*, sendo os tubérculos a única parte comestível. A planta é arbustiva, formada por ramos com folhas verde-escuras. Produz flores, cujas cores vão do branco ao roxo ou ao sarapintado, desenvolvendo-se nestas, por vezes, frutos de coloração amarelo-esverdeados que contém entre 100 e 300 sementes em forma de feijão. Quando nasce a partir de uma semente (ou semente de batata) cresce para cima, produzindo um rebento, e para baixo, produzindo raízes. De rebento nascem primeiramente os ramos e folhas, depois flores, mas, à medida que entra em senescência, a energia em excesso será armazenada, sob a forma de amido, nos tubérculos das extremidades das raízes. Estes tubérculos, as batatas, serão tanto maiores quanto maior for a quantidade de amido produzida.

O crescimento vegetativo é o período que as hastes (caules) e as folhas se desenvolvem sobre o solo. O processo fotossintético é iniciado e a planta começa a ser formada. Neste estágio, as reservas do tubérculo-mãe continuam a ser usadas para crescimento e formação de raízes e hastes. Existem suficientes reservas nos tubérculos para suportar o crescimento por cerca de 30 dias. Entretanto, estas reservas e nutrientes minerais continuarão a ser usados até a exaustão do tubérculo-semente. Alguns autores consideram as fases de desenvolvimento da brotação e crescimento vegetativo como únicas, dependendo muito da cultivar, da época de plantio, da temperatura do solo, das condições climáticas e da idade fisiológica da batata-semente (ROWE, 1993), citado por Souza (2003).

Os tubérculos são caules adaptados para reserva de alimentos e também para reprodução. Formam-se como resultado do engrossamento da extremidade dos estolões, que são caules modificados e subterrâneos, semelhantes a raízes. Na

superfície dos tubérculos, as estruturas mais evidentes são os olhos, cada um contendo mais de uma gema, e as lenticelas. Cada olho possui uma gema principal e duas laterais, de onde saem os brotos, os quais darão origem a novos ramos. Muitos destes conseguirão transformar-se em novas plantas, alimentando-se da energia existente na batata. Este tubérculo original é denominado batata semente, que muitos produtores conservam em casa e muitos comerciantes compram todos os anos (LOPES; BUSO, 1999).

Para fins comerciais a batata é propagada vegetativamente, os tubérculos de batata-semente são utilizados para o plantio, garantindo que as plantas da lavoura a ser desenvolvida apresentem a mesma constituição genética da geração anterior. Entretanto, para fins de melhoramento genético, a batata é propagada sexuadamente, ou seja, através da semente verdadeira ou semente botânica.

Genótipos altamente heterozigóticos podem ser perpetuados indefinidamente, gerando plantas geneticamente uniformes, quando estes são propagados vegetativamente. Além disso, a batata-semente, por possuir uma grande reserva nutritiva, garante o desenvolvimento de plantas com vigor superior àquelas derivadas de sementes botânicas (PINTO, 1999).

A cultura da batata pode também ser multiplicada por via sexuada, através da semente botânica, prática esta que tem sido usada com sucesso na China (ACCATINO; MALAGAMBA, 1982) inclusive para produção comercial. Porém, o grande problema deste método para a produção comercial é conseguir a uniformidade das populações, devido à possibilidade de ocorrer variabilidade genética muito grande, não atendendo às características agronômicas desejáveis (FEDALTO, 1982).

Produzir batateira a partir de sementes é um processo bastante complexo. A flor que irá nascer de uma semente precisará ser polinizada, e só quando isto se verificar, num ambiente controlado, se terá a certeza de que a planta produzira tubérculos. Na maioria dos países produtores de batata, há produtores de sementes de batata e centros de pesquisa em que os especialistas desenvolvem constantemente novas variedades. A Holanda, os Estados Unidos, o Peru e o Reino Unido são centros-chave, e os investigadores esforçam-se por preservar estas variedades para uma futura referência e pesquisa genética (BARKER, 2002). No entanto, o objetivo principal é

desenvolver novas variedades que dêem origem a uma produção de batata mais estável nos diversos climas existentes no mundo. Isto inclui variedades que possam resistir a vírus e a doenças e variedades que se possam armazenar por mais tempo, assim como outras que proporcionem qualidades culinárias exigidas por certos mercados. Será raro, evidentemente, encontrar todas as qualidades pretendidas numa única planta, de fato, é normal que apenas uma entre 100000 plantas chegue a ser registrada como uma nova variedades possível.

2.5 Diversidade e Melhoramento Genético

Por serem altamente alógamas, era de se esperar das solanáceas tuberosas um alto nível de diversidade, mas a propagação assexuada da cultura diminui esta tendência. No entanto, introgressões têm sido observadas entre espécies selvagens e domesticadas (RABINOWITZ et al., 1990), citado por Brush et al. (1995). Na principal região de cultivo das batatas, comumente cultivadas entre 2500-4000 m de altitude no centro dos Andes, existe uma tremenda diversidade ambiental em tipos de solos, condições de evapotranspiração. Como as batatas crescem nas montanhas, o isolamento físico entre populações acontece prontamente. Nos Andes, as diferenças no ambiente agrícola são mais pronunciadas dentro que entre vales, os quais são separados por largas áreas de grandes altitudes. Como resultado tem-se populações contrastantes entre vales, sendo que trocas de variedades, apesar de existirem em vilarejos, são pouco representativas (BRUSH et al., 1981).

A estratégia da maioria dos fazendeiros é ser auto-suficiente em batatas. Assim, as limitadas trocas nativas entre vilarejos podem explicar o endemismo geral de genótipos nos vilarejos e a resultante alta diversidade nas regiões de cultivo. A alta diversidade ao nível de fazendas e vilarejos pode também ser atribuída à adaptação de clones individuais ou variedades às condições locais. Outros fatores importantes na diversidade genética das batatas nos Andes são as pressões de seleção sofridas, como intempéries climáticas e estresses biológicos causados pela presença de patógenos como fungos, bactérias e vírus. As preferências e as seleções de fazendeiros individuais também podem ser notadas na diversidade local das populações de batatas.

Nestas se incluem fatores culturais, especialmente preferências de culinária e a posição de batata no folclore andino (BRUSH et al., 1995).

Mesmo assim, a batata possui uma reduzida diversidade genética que pode comprometer os avanços no melhoramento, em função de fatos ocorridos durante a sua domesticação. Entre eles citam-se o pequeno número de tubérculos introduzidos na Europa, o processo de seleção para adaptação a dias longos e a perda de parentais e cultivares suscetíveis à epidemia de requeima (*Phytophthora infestans*) ocorrida nos anos 1845-1847 (GLENDINNING, 1983; HOWARD, 1970). Uma das alternativas para aumentar a base genética da cultura é através de cruzamentos com espécies selvagens diplóides ($2n=2x=24$), as quais transmitem genes de interesse e aumentam o nível de diversidade e de interações alélicas a partir do germoplasma exótico para a batata cultivada (PELOQUIN; ORTIZ, 1992). A situação melhorou, posteriormente, com a introdução de materiais chilenos, já adaptados a dias longos, e também das espécies *S. demissum* e *S. phureja* (ROSS, 1986).

Depois de sua chegada à Europa, a batata passou de uma inconseqüente planta de passatempo, para um alimento suporte de muitos países por dois séculos, havendo ainda algumas poucas introduções de germoplasma do seu centro de origem. A concepção de melhoramento de plantas foi lentamente desenvolvida e apenas decolou no século XIX. A idéia de voltar ao centro de origem para enriquecer o pool gênico é um conceito moderno e teve pouca importância para a maioria deste século. A importação de batata da América do Sul conduziu ao desenvolvimento de muitas linhagens influentes, que mais tarde originaram a cv. Early Rose e cv. Russet Burbank. No século XX, foi realizada uma pesquisa que levou ao primeiro conhecimento da biosistemática da tuberização de *Solanum*, sendo a primeira contribuição disponível para o mundo da abundante e rica diversidade de cultivares, cujo número é de milhares (BROWN, 1999).

O Centro Internacional da Batata (CIP), centro de pesquisas científicas sediado no Peru, contabiliza 7,5 mil diferentes variedades de batatas, sendo que dos diferentes tipos, cerca de 2 mil são silvestres. O maior banco de genes se encontra no Peru, localizado numa encosta nos arredores da aldeia de Pisac, no Vale Sagrado dos Incas, o Parque da Batata é uma propriedade fértil de dez mil hectares que foi criada em 1998, por iniciativa das comunidades nativas, para preservar a diversidade do tubérculo. Hoje

em dia há cinco mil variedades de batata cultivadas, com uma gama fantástica de formas, tamanhos, sabores e cores, que vão desde o branco puro ao púrpuro intenso (LUSA, 2009).

No Brasil, a batata foi introduzida no final do século passado e as cultivares empregadas originaram-se a partir dos materiais desenvolvidos em países de clima temperado, com poucas exceções (FEDALTO, 1982). Entretanto, o melhoramento genético da batata deve ser conduzido para as nossas condições de clima tropical, visando à readaptação a fotoperíodos mais curtos e a temperaturas mais elevadas, comparadas aos países de origem. Tais condições climáticas resultam em maior fonte de inóculo de muitas doenças bacterianas, fúngicas e viróticas, as quais são transmitidas por insetos vetores, cujas populações são mais numerosas durante o ano todo, em virtude da inexistência de invernos rigorosos, enquanto que, nos países de clima temperado a sua ocorrência é reduzida e o seu controle mais fácil.

A interação da cultivar com o ambiente define o seu potencial produtivo (UMAERUS, 1981). O potencial produtivo é fator a ser considerado pelos melhoristas, considerando as épocas de plantio de cada região (CALDIZ, 1994). Em regiões tropicais baixas o potencial é baixo, aproximadamente 30 t.ha^{-1} , enquanto que, em regiões tropicais altas pode chegar próximo ao potencial da Europa, cerca de 90 a 100 t.ha^{-1} (GUNN, 1978; BEUKEMA; ZAAG, 1990). Diante destes fatores, a produção do Brasil está muito aquém, quando comparada aos outros países de clima temperado, os quais possuem clima mais favorável, permitindo assim um ciclo maior da cultura e, conseqüentemente, maiores produções.

O melhoramento genético de plantas envolve um conjunto de procedimentos com fundamentação científica, visando à alteração de características de cultivares, de modo que os novos genótipos obtidos possibilitem aumento na produtividade e na qualidade do produto agrícola. Nos programas de melhoramento genético utilizam-se a semente botânica, considerada a semente verdadeira, para fins de cruzamento e busca de caracteres desejáveis (VALOIS et. al., 2001).

A fonte básica da variabilidade genética disponível ao melhoramento de plantas cultivadas relaciona-se, em princípio, a cultivares primitivas ou avançadas e aos ancestrais selvagens das espécies comerciais. O entendimento da forma como essa

variabilidade se distribui entre os diversos grupos populacionais, em seus habitats naturais, é necessário como ferramenta auxiliar nos trabalhos de melhoramento genético (VALOIS et al., 2001). A ampla variabilidade genética é condição essencial para obtenção sistemática de cultivares com melhores produtividades, adaptadas às diversas condições ecológicas do país e com maior resistência às doenças e pragas. A conservação dos recursos genéticos de batata constitui-se de grande importância por ser um dos produtos mais consumidos a nível mundial (PEREIRA NETO et al., 2009).

O melhoramento, por sua vez, está intimamente correlacionado com a variabilidade genética, que tem papel fundamental nos programas de cruzamento e seleção de genótipos melhorados. A variabilidade genética era inicialmente explorada pela intuição. Com base nos conhecimentos acumulados ao longo de gerações, este patrimônio genético passou a ser cada vez mais utilizado, o que provocou amplas mudanças fenotípicas, de maneira que as plantas atendessem às necessidades do homem (WET; HARLAN, 1975).

Pesquisadores de várias instituições nacionais de pesquisa uniram-se em reunião para a criação de uma Rede Nacional de Pesquisa, Desenvolvimento e Inovação (P & D e I) em melhoramento de batata para condições Tropicais e Subtropicais. Esta rede tem como objetivo aumentar a eficiência e a eficácia do melhoramento genético da batata no Brasil, de modo a enfrentar, com sucesso, o desafio de desenvolver novas cultivares nacionais que mantenham os ganhos conseguidos até então, além de serem mais adaptadas e produzirem tubérculos de qualidade culinária superior àqueles disponíveis atualmente pelas cultivares estrangeiras (MELO; BUSO; LOPES, 2006).

No Brasil, os programas de melhoramento genético de batata se iniciam com o cruzamento entre duas cultivares (ou clones) heterozigotas e a produção de milhares de *seedlings* (S), que originam milhares de clones, os quais devem ser avaliados para a seleção dos mais promissores. No início do programa o melhorista se depara com enorme número de clones e pequeno número de tubérculos-sementes de cada um deles. Assim, as avaliações iniciais são pouco precisas. À medida que o número de clones vai se reduzindo e o número de tubérculos-sementes de cada clone vai

aumentando, as avaliações passam a ser mais precisas, permitindo que a seleção seja mais rigorosa e eficiente (BHERING, 2006).

Os clones selecionados na progênie podem ser diretamente utilizados como genitores. A escolha de genitores é uma etapa extremamente importante no melhoramento genético de batata, pelo fato de que clones superiores da progênie podem ser multiplicados e mantidos indefinidamente. A avaliação de um genitor é baseada no desempenho da progênie. A avaliação da progênie pode ser usada tanto para a seleção de genitores superiores quanto para a identificação das melhores combinações entre genitores. As avaliações podem ser feitas em plântulas oriundas de sementes botânicas ou nas gerações clonais subseqüentes para um ou mais caracteres (BISOGNIN, 2003).

Os estudos de distância genética têm sido de grande importância em programas de melhoramento, por fornecerem informações sobre parâmetros de identificação de genitores que possibilitem grande efeito heterótico na progênie e maior probabilidade de recuperarem genótipos superiores nas progênies. Os métodos de agrupamento têm por finalidade separar um grupo original de observações, a partir da matriz de similaridade ou dissimilaridade, em vários subgrupos, de forma que se obtenha homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos, possibilitando a visualização do comportamento de um genótipo em relação aos demais, de acordo com a distância genética indicada nas matrizes (CRUZ; REGAZZI, 2001).

É importante conhecer o material genético antes de introduzi-lo em um programa de melhoramento. Normalmente, ao se iniciar um programa de melhoramento genético de determinada cultura, é necessário conhecer a diversidade genética existente para melhor explorar essas diferenças genéticas. Além disso, é preciso ter um conhecimento prévio de como os genes são herdados, é necessário o conhecimento do mapa genético e das relações genéticas entre as espécies relacionadas no gênero. Com isso os marcadores moleculares auxiliam nesta etapa de conhecimento do material genético, reduzindo o tempo gasto no desenvolvimento de uma nova variedade.

A avaliação de um grande número de genótipos e a pouca disponibilidade de tubérculos-sementes nas primeiras gerações é comum a todos os programas de melhoramento de batata. A seleção precoce para caracteres de alta herdabilidade é

uma proposta para a redução do número de materiais a serem avaliados, de forma a minimizar o trabalho, o custo e possibilitar o investimento somente nos clones que, desde o início, se mostrarem mais promissores (AMARO et al., 2003). Com a finalidade de agilizar os programas de melhoramento genético da batata, os melhoristas têm buscado selecionar características de qualidade industrial e produção nas primeiras gerações clonais (MARIS, 1988; BRADSHAW et al., 1998).

O conhecimento das expressões genéticas dos caracteres nas primeiras gerações de seleção auxilia na escolha das melhores estratégias de seleção, podendo-se aplicar uma pressão de seleção adequada para cada caráter, evitando que genótipos com qualidade superior sejam descartados ou vice-versa. Por menor que seja essa pressão de seleção, pode determinar uma redução de custos com trabalho e equipamentos (LOVE; WERNER; PAVEK, 1997). A participação direta dos efeitos do ambiente na expressão fenotípica, e a existência de respostas diferenciadas de genótipos às condições de ambiente, têm sido freqüentemente constatadas em plantas cultivadas (CRUZ; CASTOLDI, 1991). Essa interação causa dificuldades aos programas de melhoramento, pois determina inconsistência da superioridade de genótipos com relação à variação de ambiente, tornando a seleção mais difícil (BRIGGS; KNOWLES, 1967), citados por Silva et al. (2007).

No caso da cultura da batata, geralmente, nas fases iniciais do programa de melhoramento não se dispõe de número adequado de tubérculos por clone e, devido às contaminações por vírus através das sucessivas multiplicações pela propagação vegetativa, o plantio de ensaios em vários ambientes torna-se inviável. Em alguns programas têm sido usado o estudo de estabilidade em etapas iniciais para identificação dos clones superiores (BROWN; DALE; MACKAY, 1996; SHARMA, HARMA; KATOCH, 2001) e da interação para identificação das melhores famílias (ORTIZ; GOLMIRZAIE, 2004).

Nos últimos anos tem ocorrido um incremento na produção nacional, decorrente da melhoria do material de propagação e da incorporação de novos sistemas de produção, destacando-se a biotecnologia. No entanto, os avanços tecnológicos que caracterizam o modelo da agricultura moderna levaram a uma redução drástica na diversidade genética das principais culturas. Há algumas mudanças ocorrendo no

processo de multiplicações, colocando em dúvida a origem do material e prejudicando a produção dos clones. As informações nesta área são recentes e há muito que descobrir sobre o material genético utilizado, provenientes de materiais importados.

Grande parte das variedades de batatas disponíveis no mercado foi desenvolvida e adaptada a condições de clima temperado, fazendo-se necessário conduzir pequenos campos experimentais de produção, em várias épocas do ano e em regiões distintas do país para verificar a adaptação destes materiais às nossas condições de clima tropical. Os resultados de produção não superam os valores obtidos nos países de origem, pois o ciclo da cultura em nossas condições é consideravelmente menor, e conseqüentemente confere menores ganhos em termos de produção.

Portanto, é fundamental que se compreenda que as atividades de melhoramento genético no Brasil continuarão sendo altamente dependentes da amplitude da base genética disponível, na forma de materiais mantidos nos bancos de germoplasma, que são insumos críticos para o contínuo desenvolvimento do agronegócio nacional. Da mesma forma que o país necessita de políticas públicas que protejam o seu próprio patrimônio genético, é extremamente importante que se proteja e se amplie o intercâmbio com outros países, de forma a garantir ao Brasil capacidade de acessar e se beneficiar de variabilidade genética exótica, bem como de avanços obtidos em âmbito internacional na pesquisa em recursos genéticos (LOPES; MELLO, 2008).

A diversidade conservada nos bancos de germoplasma é fundamental para assegurar que ocorram avanços nos programas de melhoramento genético, seja para obter genes de resistência a estresses bióticos e abióticos, ou para identificar genótipos com características que venham ao encontro das novas demandas do mercado (FERRER; CLAUSEN, 2001). Entretanto, para que o banco de germoplasma seja útil, é necessário fazer a sua caracterização, que tem como objetivo a descrição dos acessos, permitindo o descarte de plantas repetidas e a identificação de lacunas no germoplasma conservado (VALLS, 1998).

Os grandes avanços da genômica abrem significativas possibilidades para potencialização do uso da imensa variabilidade genética existente nos bancos de germoplasma e nos acervos de trabalho dos melhoristas. Em especial, esses avanços tendem a promover mudanças de paradigmas no acesso, caracterização, conservação

e uso dos recursos genéticos vegetais. Os programas tradicionais de recursos genéticos vegetais priorizam os programas de melhoramento genético como os principais usuários dos seus resultados que, via de regra, são organismos (acessos) caracterizados e devidamente conservados. No entanto, os avanços recentes da genômica viabilizam estudos detalhados de funções biológicas importantes, para os quais organismos devidamente caracterizados são essenciais. O estabelecimento das relações entre genes e caracteres é extremamente dependente de recursos genéticos apropriadamente organizados para análises mais detalhadas de estrutura-função. Diante disto, os bancos de germoplasma precisam ampliar seus acervos, em especial para busca daquelas funções e caracteres usualmente não disponíveis nos acervos tradicionais (FIEHN, 2002).

A habilidade para discriminar e identificar cultivares de batata e clones é aplicada na pesquisa e nos programas de melhoramento genético. A caracterização da diversidade genética também tem sido importante para a certificação de batatas sementes e comercialização de tubérculos (FORD; TAYLOR, 1997), bem como para avaliar os direitos da propriedade intelectual e de marcas registradas (COOMBS; FRANK; SOUCHES, 2004).

Nos últimos anos, houve um aumento significativo de metodologias da genética molecular e suas aplicações para resolver problemas e aumentar a eficiência dos programas de conservação e uso dos recursos genéticos vegetais. As metodologias para detectar e analisar a variabilidade genética em nível molecular oferecem informações adicionais a outros estudos relativos à conservação e ao uso de bancos de germoplasma. Tanksley; Mccouch (1997) discutem a importância do uso dos recursos genéticos existentes em bancos de germoplasma e presentes, muitas vezes, em espécies silvestres. Os autores apontam que a possibilidade de se acessar a variabilidade genética no DNA, com o uso de marcadores moleculares, irá revolucionar a forma como esta variabilidade será explorada em programas de melhoramento de plantas no futuro. Somente o uso correto da biotecnologia como auxiliar ao melhoramento, permitirá que os riscos sejam minimizados e os benefícios maximizados.

2.6 Marcadores Moleculares

Os marcadores moleculares são ferramentas úteis para detectar variações no genoma, aumentando o poder da análise genética das plantas. Atualmente, existe grande variedade de marcadores moleculares disponíveis para diferentes espécies vegetais. Com o rápido avanço das técnicas, sua simplificação e a redução dos custos, o uso de marcadores de DNA vem se tornando rotineiro nos programas de melhoramento genético de plantas, aumentando a eficiência e proporcionando maiores ganhos genéticos nas principais culturas de interesse econômico. Marcadores moleculares baseados em microssatélites têm sido desenvolvidos em várias espécies de plantas cultivadas. Estes marcadores estão substituindo rapidamente outros marcadores em vários tipos de estudos genéticos, principalmente devido à sua reprodutibilidade e simplicidade técnica, à pequena quantidade de DNA requerida, ao baixo custo, ao grande poder de resolução e aos altos níveis de polimorfismo (CAIXETA et al., 2006).

Os genomas eucariotos são densamente povoados por seqüências simples repetidas, as quais consistem em um a seis nucleotídeos repetidos em tandem. Essas regiões são denominadas microssatélites ou SSR (*Simple Sequence Repeats*). As seqüências de DNA que flanqueiam os microssatélites são geralmente conservadas entre os indivíduos de uma mesma espécie, permitindo a seleção de iniciadores (*primers*) específicos que amplificam, via PCR, fragmentos contendo o DNA repetitivo em todos os genótipos. Os produtos da amplificação são observados em gel de poli-acrilamida (CAIXETA, et al., 2006).

Os microssatélites constituem uma das classes mais polimórficas de marcadores moleculares disponíveis hoje. Esse alto nível de diversidade alélica possibilita a obtenção de polimorfismo em populações multiparentais e em populações derivadas de híbridos de genótipos relacionados, além de distinguir acessos de germoplasma diretamente relacionados (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998). Esses marcadores têm sido úteis para a integração de mapas genéticos e físicos, além de, simultaneamente, proporcionar aos melhoristas e geneticistas uma eficiente ferramenta para conectar variações fenotípicas e genotípicas. Os microssatélites também apresentam vantagens sobre os demais marcadores baseados em PCR (Polymerase Chain Reaction), como o

RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), porque são co-dominantes e facilmente reproduzíveis. Além dessas características, os microssatélites parecem ter uma distribuição freqüente e aleatória, permitindo uma cobertura ampla do genoma. O alto nível de variação detectado com os marcadores microssatélites aumenta a resolução do estudo de genealogia e diversidade genética do germoplasma e reduz o número de marcadores requeridos para distinguir genótipos (BORÉM; CAIXETA, 2006)

Rocha (2008), ao utilizar seis *primers* RAPD e três *primers* SSR, identificou 16 cultivares de batata. Os marcadores RAPD e SSR foram adequados para estudos de diversidade genética e para a caracterização das cultivares de batata, confirmando o potencial das técnicas na análise de *fingerprinting* e na caracterização genética de cultivares de batata. Notou-se que o *fingerprint* foi mais eficiente ao utilizar os marcadores SSR do que os marcadores RAPD, uma vez que três *primers* de SSR permitiram distinguir todas as cultivares estudadas, comparando com seis *primers* de RAPD utilizados.

McGregor et al. (2000) utilizaram cinco primers SSRs para diferenciar 24 cultivares importantes de batata utilizados na África do Sul. Ghislain et al. (2000) utilizando dois primers SSRs, identificaram vinte cultivares de batata nativa. No entanto, dois pares de cultivar, conhecidos por serem diferentes, não poderiam ser separados, mesmo com 16 primers SSRs adicionais. Kawchuk et al. (1996) diferenciaram 73 de 95 variedades com 3 primers SSRs. Além disso, vários destes resultados reportados foram obtidos através de eletroforese em gel de poliacrilamida seqüenciamento tanques, onde O DNA foi detectado por coloração pela prata.

Estudo realizado por Norero et al., (2002) utilizou quatro pares de primers SSR, os quais foram selecionados entre setenta e quatro com base em trabalho anterior realizado no laboratório, necessários para discriminar entre 37 cultivares comercialmente importantes de batata, do INTA (Instituto nacional de Tecnologia Agropecuária) e outras origens, freqüentemente cultivadas na Argentina e países vizinhos. Os SSRs utilizados neste estudo estão descritas na Milbourne et al. (1998). Os padrões obtidos, o baixo custo e a simplicidade da técnica tornam uma ferramenta ideal para a identificação eficaz de cultivares de batata.

Estudos realizados por Mathias, Sagredo e Kalazich (2007) utilizaram marcadores moleculares (SSR) com o objetivo de integrarem a tecnologia ao Programa de Melhoramento de Batata do Instituto InvestigaçãO Agrícola (INIA), do Chile, avaliaram um grupo de 26 marcadores SSR em uma amostra de 71 genótipos de batata. Cada marcador foi caracterizado pelo número de alelos e suas respectivas combinações, como a leitura do Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC) e poder discriminatório (D). Com relação ao total de SSR, apenas 21 marcadores mostraram produtos legíveis com um número de alelos que variou entre 2 e 17. As combinações alélicas observadas através dos diferentes genótipos de batata variaram de 2 a 47, entretanto, os genótipos únicos detectados por cada marcador variou de 0 a 38.

A extensão e a distribuição da diversidade genética em uma espécie é uma condição essencial para uma eficiente conservação. Na Argentina não há informação sobre a variação genética entre e dentro de variedades de batata, como também não há sobre os padrões de variação geográfica. Ispizúa et al. (2007) avaliaram 155 acessos conservados em banco de germoplasma de Balcarde, INTA (Instituto Nacional de Tecnologia e Agropecuária), testando quatro locos de microssatélites, sendo que os quatro locos agruparam os 155 acessos em 72 genótipos. Os SSRs provaram ser bastante informativos na identificação da diversidade genética e para detectar erros na identificação dos acessos.

Atualmente a identificação de cultivares de batata está baseada em caracteres fenotípicos. Com o crescente número de cultivares o processo está se tornando cada vez mais complexo, tornando necessárias inspeções em diferentes fases da cultura. Portanto, a utilização de marcadores moleculares é uma ferramenta complementar possível para identificar cultivares de batata e verificar rapidamente a identidade das sementes dos lotes. Um estudo realizado com 286 cultivares de batata produzida na França, as quais foram caracterizadas pela ReaçãO em Cadeia da Polimerase (PCR) onde apenas cinco marcadores SSR foram escolhidos, permitiram concluir a discriminaçãO entre as cultivares. Os padrões foram registrados em um banco de dados e este processo está sendo usado rotineiramente na França, assim como em outros países (MOISAN-THIERY et.al., 2005).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material

Para esse estudo foram utilizados 108 acessos de coleções de batata, provenientes de diversas regiões do Brasil, os quais pertencem a três grupos distintos: cultivares comerciais (Figuras 1 a 6), clones em fase de desenvolvimento e clones cultivo orgânico (Tabela 1; Anexo 1). Com relação aos acessos, vários clones avaliados pertencem aos programas de melhoramento desenvolvidos pela Embrapa Hortaliças (CNPQ), Brasília - DF. Algumas das variedades comerciais utilizadas são provenientes da Empresa Pirassu, localizada no município de Vargem Grande do Sul – SP, outras são referentes à coleção da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), município – MG, e outras são de cultivo orgânico, pertencentes à coleção do Instituto Agronômico (IAC), Campinas - SP. Parte do material avaliado foi obtida ainda em fase juvenil e multiplicado em casa de vegetação, próxima ao Departamento de Genética, ESALQ/USP, em Piracicaba – SP, para a coleta de folhas recém-expandidas para a extração do DNA. Outra parte do material foi enviada pelos responsáveis pelas coleções, que coletaram as folhas jovens recém expandidas, as quais foram devidamente embaladas e acondicionadas, de modo a não perderem a umidade, para depois enviá-las devidamente embaladas pelo correio. As amostras foram colocadas para secar em estufa a 45°C por um período de 24 horas e posteriormente foi extraído o DNA.

Tabela 1 - Acessos de batata (*Solanum tuberosum*) avaliados e fonte e/ou origem

(continua)

Nº	Acessos Variedades Comerciais	Fonte
1	ATLANTIC	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
2	CUPIDO	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
3	ASTERIX	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
4	SANTÉ	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
5	MUNDIAL	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
6	ATLANTIC Chile	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
7	FIANNA	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
8	PIRASSU	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
9	ITARARÉ	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
10	SPUNTA	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
11	HPC-7B	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
12	LADY ROSETTA	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
13	PANDA	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
14	ÁGATA	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
15	MONALISA	Pirassu – Vargem Grande do Sul/SP
16	OPALINE	EPAMIG
17	VOYAGER	EPAMIG
18	COLORADO	EPAMIG
19	FLORICE	EPAMIG
20	NATURELLA	EPAMIG
21	EDEN	EPAMIG
22	GOURMANDINE	EPAMIG
23	FONTANE	EPAMIG
24	CATUCHA	EPAMIG
25	CANELE (FR)	EPAMIG
26	EMERALDE	EPAMIG
27	CHIPIE	EPAMIG
28	AGATA	EPAMIG
29	MONALISA	EPAMIG
30	EOLE	EPAMIG
31	MELODIE	EPAMIG
32	GREDINE	EPAMIG
33	BRS ANA	EPAMIG
34	ATLANTIC	EPAMIG
35	ASTERIX	EPAMIG
36	CAESAR	EPAMIG
37	BRS ELISA	EPAMIG
38	SOLÉIA	EPAMIG
	Clones	Fonte
39	386-7	EMBRAPA/CNPH ¹
40	2192-24	EMBRAPA/CNPH ¹
41	388-37	EMBRAPA/CNPH ¹
42	105-2	EMBRAPA/CNPH ¹
43	1125-1	EMBRAPA/CNPH ¹
44	280-10	EMBRAPA/CNPH ¹
45	2242-18	EMBRAPA/CNPH ¹
46	383-19	EMBRAPA/CNPH ¹
47	(2254-8)	EMBRAPA/CNPH ¹
48	804-2	EMBRAPA/CNPH ¹
49	328-7	EMBRAPA/CNPH ¹
50	(2252-7)	EMBRAPA/CNPH ¹
51	387-1	EMBRAPA/CNPH ¹
52	2242-31	EMBRAPA/CNPH ¹
53	(25-1)	EMBRAPA/CNPH ¹
54	382-1	EMBRAPA/CNPH ¹

⁽¹⁾ Material cedido por Ossami Furomoto (EMBRAPA/CNPH).

Tabela 1 - Acessos de batata (*Solanum tuberosum*) avaliados e fonte e/ou origem

(conclusão)

N°	Acessos Clones	Fonte
55	(67-2)	EMBRAPA/CNPH ¹
56	(40-1)	EMBRAPA/CNPH ¹
57	(2274-3)	EMBRAPA/CNPH ¹
58	(17-10)	EMBRAPA/CNPH ¹
59	(2200-5)	EMBRAPA/CNPH ¹
60	(27-1)	EMBRAPA/CNPH ¹
61	(370-1)	EMBRAPA/CNPH ¹
62	(2242-2)	EMBRAPA/CNPH ¹
63	(2254-47)	EMBRAPA/CNPH ¹
64	90	EMBRAPA/CNPH ²
65	201	EMBRAPA/CNPH ²
66	265	EMBRAPA/CNPH ²
67	359	EMBRAPA/CNPH ²
68	1870	EMBRAPA/CNPH ²
69	34	EMBRAPA/CNPH ²
70	85	EMBRAPA/CNPH ²
71	269	EMBRAPA/CNPH ²
72	280	EMBRAPA/CNPH ²
73	582	EMBRAPA/CNPH ²
74	5	EMBRAPA/CNPH ²
75	121	EMBRAPA/CNPH ²
76	286	EMBRAPA/CNPH ²
77	511	EMBRAPA/CNPH ²
78	575	EMBRAPA/CNPH ²
79	679	EMBRAPA/CNPH ²
80	743	EMBRAPA/CNPH ²
81	133	EMBRAPA/CNPH ²
82	223	EMBRAPA/CNPH ²
83	253	EMBRAPA/CNPH ²
84	266	EMBRAPA/CNPH ²
85	277	EMBRAPA/CNPH ²
86	299	EMBRAPA/CNPH ²
87	451	EMBRAPA/CNPH ²
88	769	EMBRAPA/CNPH ²
89	846	EMBRAPA/CNPH ²
	Cultivo orgânico	Fonte
90	MELODY	ABASMIG
91	CATUCHA	EPAGRI/SC
92	ÁGATA	IAC/APTA
93	CUPIDO	MULTIPLANTA
94	IBITUAÇÚ	IAC
95	???	IAC/APTA
96	ÉDEN	MULTIPLANTA
97	ARACY	IAC
98	VIVALDI	IAC/APTA
99	ASTERIX	EPAMIG
100	APUÃ	IAC
101	NOVELLA	EPAMIG
102	ARACY RUIVA	IAC
103	ITARARÉ	IAC
104	APTA 15-20	APTA
105	APTA 21-54	APTA
106	APTA 16-5	APTA
107	CÉSAR	Faz. Japiapé
108	TUNDRA	EPAMIG

⁽¹⁾ Material cedido por Ossami Furomoto (EMBRAPA/CNPH); ⁽²⁾ Material cedido por Paulo E. Melo (EMBRAPA/CNPH).

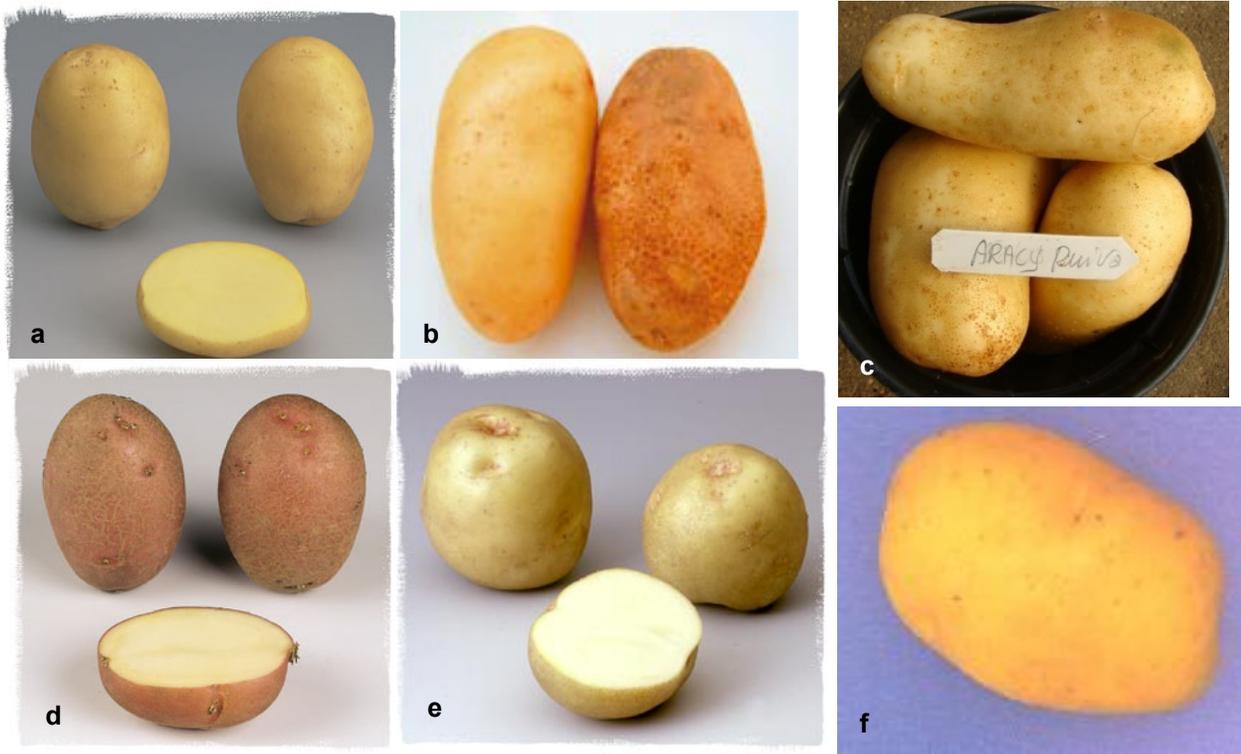


Figura 1 – Ilustração dos tubérculos das variedades comerciais analisadas de batata: a - 'Ágata'; b - 'Aracy'; c - 'Aracy Ruiva'; d - 'Asterix'; e - 'Atlantic'; f - 'Brs- Elisa'

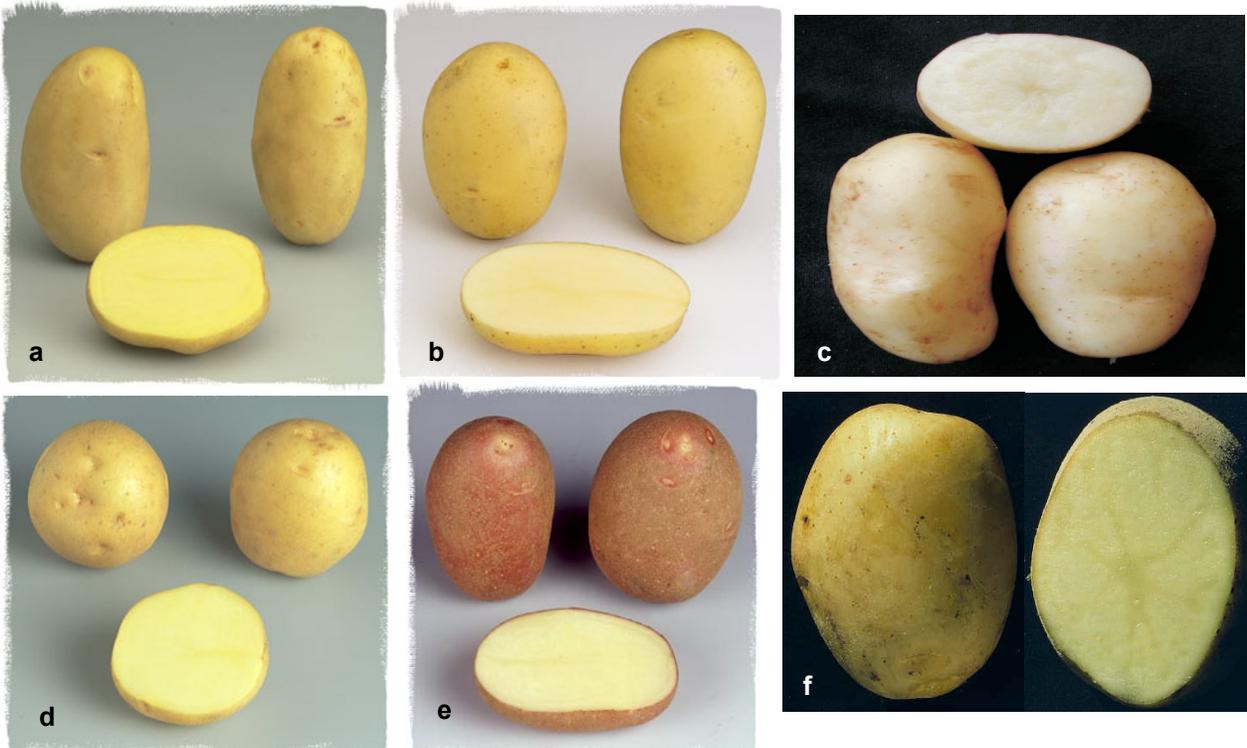


Figura 2 – Ilustração dos tubérculos das variedades comerciais analisadas de batata: a - 'Caesar'; b - 'Canelle'; c - 'Catucha'; d - 'Chipie'; e - 'Colorado'; f - 'Cupido'

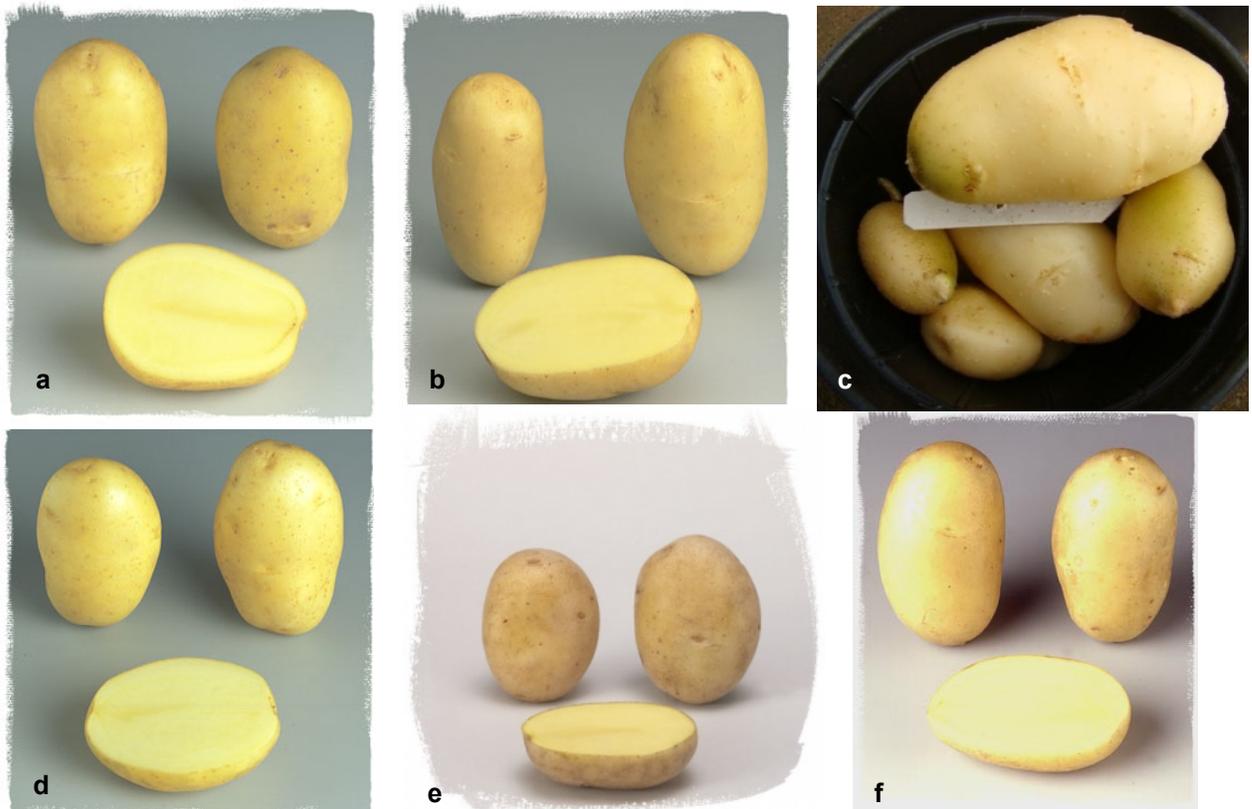


Figura 3 – Ilustração dos tubérculos das variedades comerciais analisadas de batata: a - 'Éden'; b - 'Emeralde'; c - 'Fianna' d - 'Florice'; e - 'Fontane' f - 'Gourmandine'

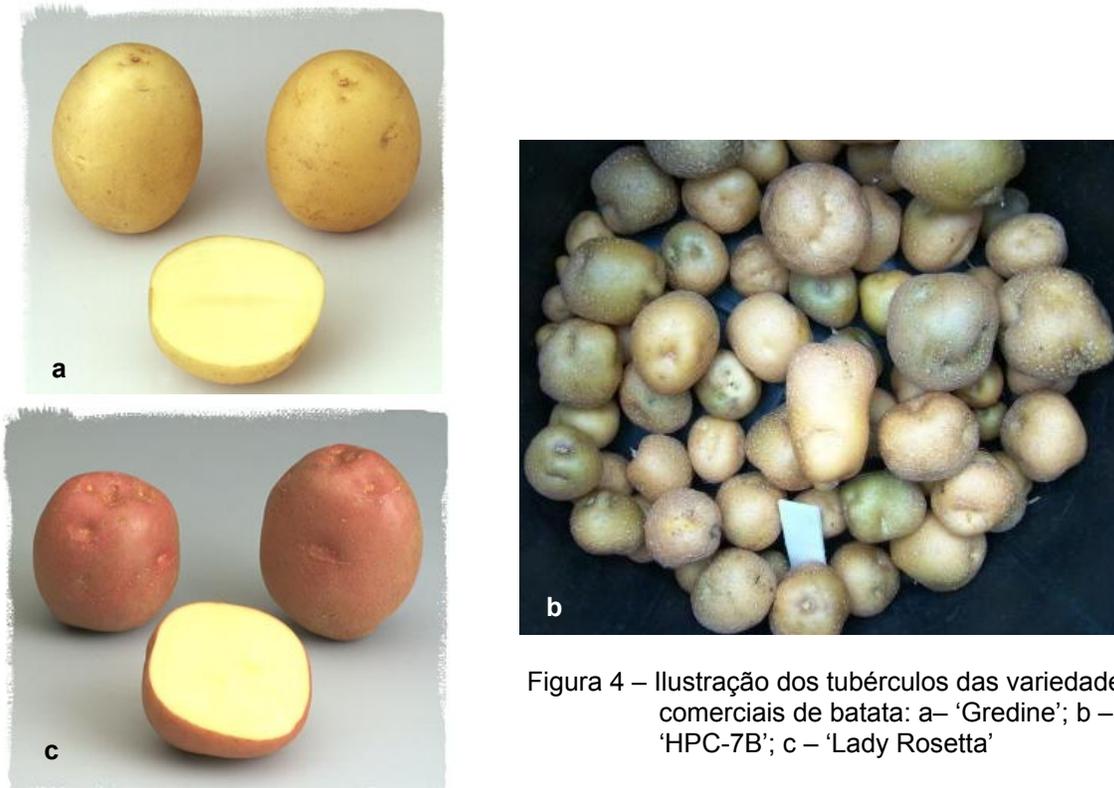


Figura 4 – Ilustração dos tubérculos das variedades comerciais de batata: a- 'Gredine'; b - 'HPC-7B'; c - 'Lady Rosetta'



Figura 5 – Ilustração dos tubérculos das variedades comerciais analisadas de batata: a – ‘Melody’; b – ‘Monalisa’; c – ‘Mondial’; d – ‘Naturella’ e – ‘Opaline’; f – ‘Panda’

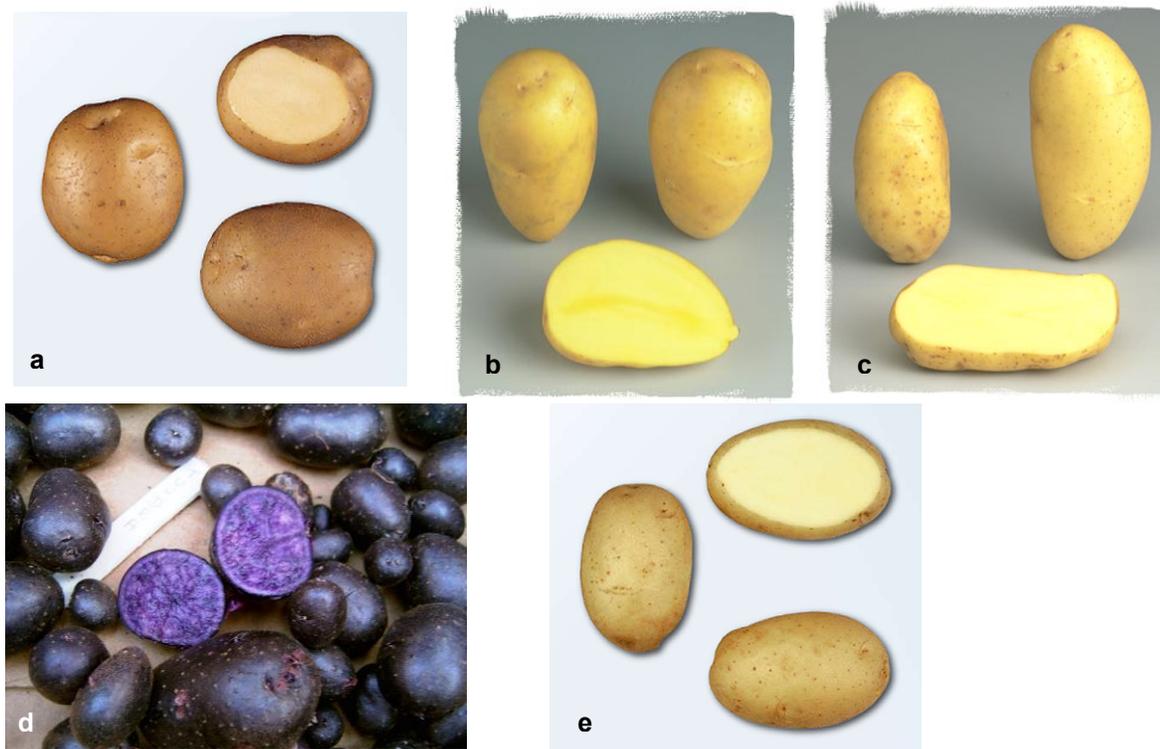


Figura 6 – Ilustração dos tubérculos das variedades comerciais analisadas de batata: a – ‘Santé’; b – ‘Soléia’; c - ‘Spunta’; d – ‘Tundra’ e – ‘Voyager’

3.2 Extração do DNA

As análises dos marcadores microssatélites foram conduzidas no Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada (LEEGA), do Departamento de Genética, ESALQ/USP. Para a extração de DNA foi seguida a metodologia desenvolvida por Siqueira et al. (2009). Foram coletadas folhas jovens recém expandidas, as quais foram desidratadas em estufa a 45°C por um período de 24 horas. Em seguida, as folhas secas e jovens foram maceradas em almofariz (cadinho de porcelana), até obtenção de um pó muito fino. Com este processo, aumenta-se a relação superfície/volume do material favorecendo a ação do tampão. Transferiu-se o pó fino para um "ependorf" de 2mL e adicionou-se imediatamente 800µL de tampão de extração CTAB 3% (brometo de cetiltrimetilamônio), contendo: TRIS (tris- (hidroximetil-aminometano)) - HCl 0,1 M pH 8,0; NaCl 1,2 M; CTAB 3%; EDTA (ácido etileno diamino tetracético) 30 mM pH 8,0 e mercaptoetanol a 3%. Após este processo, as amostras foram incubadas em banho-maria durante 60 minutos a 65°C, pois com esta temperatura consegue-se uma maior dissolução das proteínas. A cada 15 minutos os tubos foram invertidos lentamente para que houvesse uma homogeneização. Durante este período o EDTA inibe a atividade enzimática das nucleases, quelando os íons de magnésio, co-fatores destas. O CTAB é um detergente que solubiliza as membranas, formando com o DNA um complexo que facilita uma posterior precipitação (WEISING et al., 1995). A seguir, adicionou-se volume (500µL) de clorofil, uma solução que consiste em 24 partes de clorofórmio em 1 parte de álcool isopropílico (24:1), misturou-se, agitou-se levemente o tubo por 1 minuto e centrifugou-se durante 10 minutos a 14000 rpm. Após a centrifugação, retirou-se 500µL da fase líquida, transferindo-a para um novo tubo ("ependorf"). Por ação do clorofil, as proteínas são desnaturadas, e ficam insolúveis na fase aquosa, onde se encontra o DNA. Repetiu-se este processo duas ou três vezes, tendo em conta que mais lavagens podem tornar a amostra mais pura, porém com maiores perdas de DNA, sendo que esta etapa contribuí para aumentar a pureza da amostra (pureza do DNA). Foram transferidos 400µL do sobrenadante para novo tubo, adicionando-se 350µL de isopropanol pré-esfriado a uma temperatura de - 20°C, mantendo-se este material por 1 hora à temperatura de - 5°C. Precipitou-se o DNA da fase aquosa através da adição de isopropanol a frio, centrifugando-se novamente; com isso decantou-se o sobrenadante do tubo. Após este período o material foi centrifugado a 14000 rpm por

10 minutos, obtendo um sedimentado no fundo do tubo. O sobrenadante foi descartado e em seguida adicionou-se 1000 μ L da solução “New wash” (Etanol 70% + 0,15M de NaCl). Eliminaram-se os resíduos de etanol por secagem à temperatura ambiente durante aproximadamente 12 horas em temperatura ambiente. Após este período o pellet foi ressuspenso em solução tampão TE (10 mM Tris-HCL pH 8,0; 1 mM EDTA pH 8,0), sendo adicionado 200 μ L de TE mais 4 μ L de RNase (10 mg/mL) em cada tubo. Os tubos foram colocados em banho-maria por 30 minutos a aproximadamente 37°C e, posteriormente, armazenados a temperatura de - 5°C no *freezer*.

3.2.1 Quantificação do DNA

A concentração de DNA da solução, armazenada de cada indivíduo, foi estimada através da corrida das amostras em gel de agarose com uma concentração de 0,8% (Figura 7). O gel foi preparado previamente, utilizando 0,8g de agarose diluídas em solução tampão TBE 1X [100 mL TBE 10X (0,89M Tris base, 0,89M ácido bórico, 20mM EDTA pH 8,0) e 900 mL de água destilada] e corado com 4 μ L de Brometo de Etídeo. Esta solução foi colocada com cuidado em uma cuba, com o gel se polimerizando após 30 minutos. Foram acrescentadas no gel amostras de 2 μ L da solução contendo o DNA mais 5 μ L de solução de azul de bromofenol, resultando em 7 μ L desta solução em cada poço do gel preparado. A solução de azul de bromofenol (tampão da amostra) confere coloração e densidade às amostras e esta solução foi preparada utilizando-se 30mg de azul de bromofenol mais 3,12g de ficol diluídos em 30mL de água MilliQ.

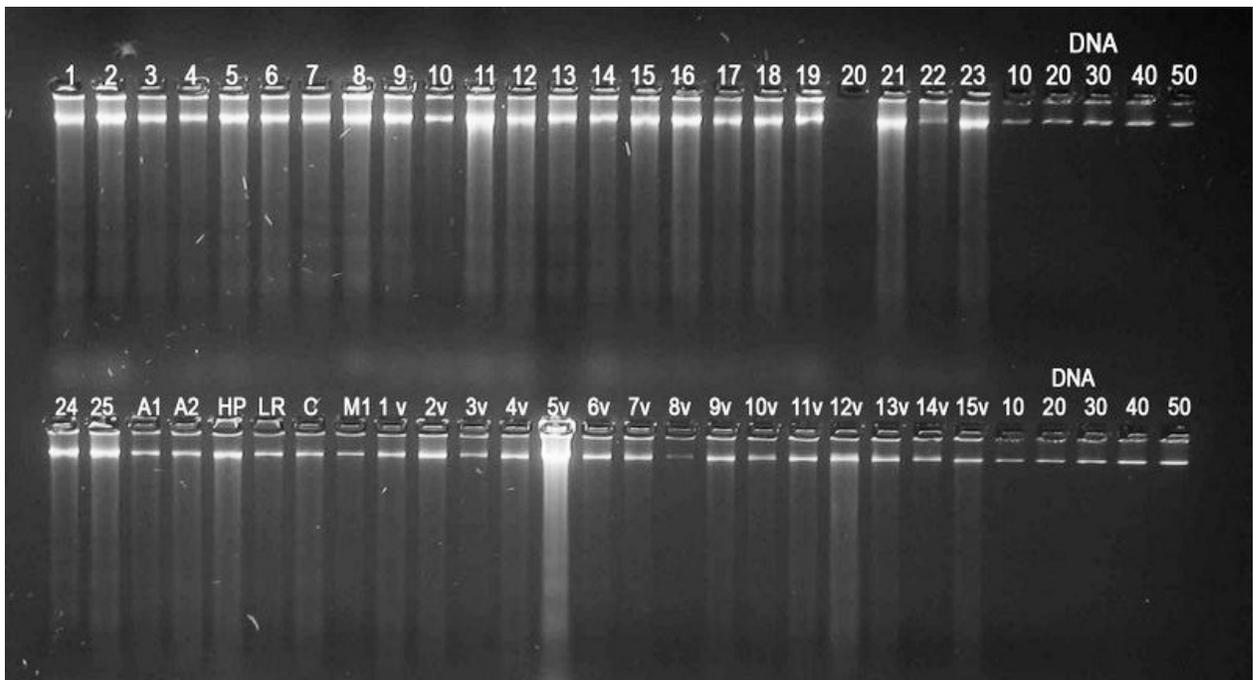


Figura 7 - Quantificação de amostras de DNA em gel de agarose a uma concentração de 0,8%. Cada número representa um genótipo e as soluções padrões com as seguintes concentrações: 10, 20, 30, 40 e 50ng de DNA

Para a quantificação das amostras e efeito de comparação, utilizaram-se soluções padrões com as seguintes concentrações: 10, 20, 30, 40 e 60ng de DNA. A eletroforese foi realizada em cuba horizontal, contendo tampão de corrida (TBE 1X) a uma voltagem de 90 Volts por aproximadamente 40 minutos. Após a corrida do gel, o mesmo foi retirado da cuba e colocado com cuidado em um transluminador, acoplado a uma câmera fechada, conectada a uma câmera digital e através da luz ultravioleta foi revelado pelo software utilizado. Dependendo dos valores encontrados em cada amostra na etapa da quantificação do gel, conforme necessário, fez-se a diluição das mais concentradas, para uniformizá-las em concentrações equivalentes a 5ng, valor recomendado para as reações de PCR.

3.2.2 Reações de amplificação em termociclador

Neste estudo foram utilizados 10 iniciadores (*primers*) específicos, descritos por Ghislain et al. (2006) (Tabela 2). Alguns destes *primers* também foram escolhidos e utilizados em trabalho realizado por Mathias, Sagredo e Kalazich (2007) para a

realização da amplificação. A técnica da reação da polimerase em cadeia (PCR) envolve a síntese enzimática *in vitro* de milhões de cópias de um segmento específico de DNA na presença da enzima DNA polimerase. Ela baseia-se na síntese enzimática de um fragmento específico de DNA, utilizando dois *primers* (oligonucleotídeos) que se anelam nas fitas opostas de um fragmento de DNA molde, flanqueando as regiões de interesse (MULLIS; FALOONA, 1987).

Tabela 2 - Iniciadores específicos para a batata¹ (*Solanum tuberosum*), utilizados neste estudo, incluindo as seqüências de cada iniciador, a localização do cromossomo, o número esperado de alelos por loco, a temperatura de anelamento (T°C), o tamanho em pb, e o conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) por loco (GHISLAIN et al., 2006)

Loco	Seqüência (5' → 3')	Cromossomo	Nº de alelos	T°C	Tamanho pb
STM0019a	F: AATAGGTGACTGACTCTCAATG R: TTGAAGTAAAAGTCCTAGTATGTG	VI	8	47	176-217
STM0037	F: AATTTAACTTAGAAGATTAGTCTC R: ATTTGGTTGGGTATGATA	XI	4	53	77-95
STM1049	F: CTACCAGTTTGTGGATTGTGGTG R: AGGGACTTTAATTTGTTGGACG	I	5	57	184-205
STM1053	F: TCTCCCCATCTTAATGTTTC R: CAACACAGCATSCAGATCATC	III	3	55	173-177
STM1104	F: TGATTCTCTTGCCTACTGTAATCG R: CAAAGTGGTGTGAAGCTGTGA	VIII	6	57	169-181
STM1106	F: TCCAGCTGATTGGTTAGGTTG R: ATGCGAATCTACTCGTCATGG	X	6	55	142-164
STM2013	F: TTCGGAATTACCCTCTGCC R: AAAAAAAGAACGCGCACG	VII	8	55	147-168
STM2022	F: GCGTCAGCGATTTTCAGTACTA R: TTCAGTCAACTCCTGTTGCG	II	2	53	185-201
STM3012	F: CAACTCAAACCAGAAGGCAAA R: GAGAAATGGGCACAAAAACA	IX	3	57	169-199
STPoAc58	F: TTGATGAAAGGAATGCAGCTTGTG R: ACGTTAAAGAAGTGAGAGTACGAC	V	2	57	231-235

A etapa de amplificação dos produtos baseia-se na mistura da solução de trabalho contendo o DNA da amostra com uma mistura de soluções, que fornece os reagentes necessários para a reação (Mix). A quantidade de elementos do Mix para cada microtubo de reação foi: 0,2µL de *Taq-Polymerase* (5U/µL); 1,0µL de Tampão

(*Buffer Amplification* 10x); 1,0 μ L MgCl₂ (50mM); 0,5 μ L de *Primer F* (5pmoles/ μ L); 0,5 de *Primer R* (5pmoles/ μ L); 1,0 μ L de dNTP's (2,5mM de cada); 3 μ L de H₂O Milli-Q e 3 μ L de DNA em cada microtubo. Estas quantidades foram multiplicadas pelo número total de indivíduos utilizados para as reações para fazer o mix, acrescentando-se por último a *Taq polymerase*. Foi feito um controle em branco, uma amostra contendo o mix sem o DNA, a qual serviu de controle para verificar se não havia contaminações. A enzima DNA *Taq polymerase* tem a função de realizar a extensão da fita de DNA, a partir de cada terminal 3' dos *primers*, a 72°C. Os dNTP's (dCTP, dGTP, dATP, dTTP) são utilizados como molde à seqüência alvo e têm a função de promover a extensão da fita de DNA. O magnésio (MgCl₂) é essencial para a reação, pois a enzima *Taq polymerase* para atuar depende de magnésio (co-fator). Para o preparo dos dNTP's, acrescentou-se 20 μ L de cada base (A,G,T,C) em 920 μ L de água Milli-Q. Para proceder a reação de amplificação foi utilizado o termociclador modelo MyCycler Thermal Cycler da BioRad. As reações de PCR seguiram a seguinte seqüência: 3 minutos a 94°C, seguido de 30 ciclos de 30 segundos a 94°C, 1 minuto na temperatura de anelamento definida para cada iniciador (Tabela 3) e 1 minuto a 72°C, e uma fase final de extensão de 5 minutos a 72°C.

Os produtos da amplificação foram separados sob uma voltagem inicial de 60 volts por 30 minutos, ampliando-a para 120 volts por cerca de duas horas, em tampão TBE (0,09 M Tris, 0,09 M ácido bórico, 2 mM de EDTA), aplicada aos géis de poliacrilamida a 6%. Utilizaram-se marcadores padrão com peso molecular de 10 pb e de 100 pb. Após amplificado e separado, o material foi corado com nitrato de prata (BASSAM et al., 1991) para a revelação das bandas de microssatélites. Colocou-se o gel delicadamente em uma bandeja onde as bandas foram fixadas com 125mL de solução fixadora [etanol absoluto (100 mL), ácido acético (5 mL) e água destilada (895 mL)], adicionando-se previamente a esta solução 0,25g de nitrato de prata por 3 minutos. Em seguida, drenou-se a solução da bandeja e lavou-se o gel duas vezes com 150mL de água destilada (uma por 1 minuto e outra rapidamente), retirando-se o excesso de prata na drenagem de cada lavagem. Para visualização dos produtos da amplificação usou-se uma solução reveladora [hidróxido de sódio (30g), água destilada (1000mL) e formaldeído (0,4mL)]. Após a retirada do excesso de solução, o gel foi

visualizado em transluminador, onde verificou-se a presença e a ausência de bandas para cada genótipo. Os valores obtidos foram armazenados em uma base de dados para uma análise mais profunda e realização das análises estatísticas.

3.3 Análise estatística

Para a análise estatística, sendo os acessos de batata tetraplóides, os produtos gerados pela amplificação dos microssatélites foram considerados como marcadores dominantes, pela impossibilidade de se determinar as frequências alélicas, avaliando-se a presença e ausência de bandas de microssatélites. Cada alelo de SSR correspondeu a uma banda amplificada. As bandas de aparência diferente do padrão dominante foram consideradas como bandas inespecíficas e não foram incluídas nas análises. Portanto, cada loco de SSR foi caracterizado segundo a nitidez de suas bandas, assim como a amplitude de seus alelos, definindo assim um índice de qualidade de leitura para cada marcador. O tamanho dos alelos foi determinado pela comparação da mobilidade no gel com o tamanho molecular do marcador de 10 e de 100bp DNA *ladder* (Invitrogen™).

As bandas amplificadas foram analisadas visualmente e foi construída uma matriz considerando os dados binários, onde o valor 1 (um) significa presença de banda, e o valor 0 (zero) sua ausência. Estes dados foram utilizados na construção de uma matriz binária. A partir dos dados binários, foi calculada a matriz de similaridade para o total de 108 acessos de batata, bem como para cada coleção (comerciais, clones e cultivo orgânico), utilizando o coeficiente de similaridade de Jaccard para os marcadores SSR. Com estes coeficientes e utilizando-se o método aglomerativo UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with an Arithmetic Mean*), e pelo procedimento SAHN (*Seqüencial Agglomerative Hierarquic Nonoverlapping*) foram realizadas análises de agrupamento, utilizando-se para essas análises o software NTSYSpc (*Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System*) (ROHLF, 1992). A precisão dos agrupamentos foi estimada a partir de simulações com reamostragens, por meio de 10.000 *bootstraps*, utilizando o software BOOD, versão 2.0 (COELHO, 2001).

Foi também determinado o número de alelos (bandas) por loco, bem como o coeficiente Conteúdo de Informação de Polimorfismo (PIC), de acordo com a expressão:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2$$

onde:

p_i = freqüência do alelo (banda) em cada loco.

n = número de alelos observados

A diversidade genética de num loco é caracterizada pela heterozigosidade esperada, heterozigosidade observada e diversidade alélica. Para um loco com dois alelos com freqüência p e q , a heterozigosidade esperada é $H_e = 2pq$ (também chamada de diversidade gênica). Quando existem mais que dois alelos, é mais simples calcular a heterozigosidade esperada como sendo um menos a soma do quadrado das freqüências dos alelos:

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^{\#alelos} p_i^2$$

Onde:

p_i é a freqüência do alelo i .

Geralmente prefere-se descrever a H_e ao invés da heterozigosidade observada.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise dos marcadores SSR

A diversidade dos microssatélites é detectada pela amplificação do DNA usando a reação da polimerase em cadeia (PCR). Seqüências únicas conservadas (*primers*) flanqueando os microssatélites são usadas para especificar a região do DNA a ser amplificada. Os fragmentos de DNA resultantes são separados de acordo com o tamanho usando eletroforese em gel de acrilamida. Após a separação, os fragmentos são detectados nos géis corados com nitrato de prata.

No presente trabalho, dos 10 locos (*primers*) utilizados, todos apresentaram polimorfismo entre os acessos analisados, produzindo bandas bem definidas e reproduzíveis. Foram amplificados um total de 50 alelos (bandas) com uma média de 5 alelos por loco. O maior número de alelos (13) foi apresentado pelo loco STM0019 e o menor número de alelos (2) foi apresentado pelos locos STM 1053 e STM 1104 (Tabela 3; Figuras 7, 8 e 9). Apenas dois alelos estavam presentes em todas as variedades avaliadas, enquanto que 48 alelos mostraram-se polimórficos para o conjunto de 108 acessos, os quais apresentaram, portanto, 96% de polimorfismo. Milbourne et al. (1997), avaliando 14 genótipos de batata do noroeste Europeu com 17 locos SSR, observou 98 alelos (bandas) com média de 5,76 alelos. Raker e Spooner (2002) avaliaram um total de 208 alelos analisados a partir de 18 locos SSR espalhados por todos os 12 cromossomos de batata. Utilizando um modelo infinito de alelos e análises de método de mínimos quadrados, os locos separaram a subsp. *tuberosum* da subsp. *andigenum*, sendo a primeira cultivada e a última selvagem. O número médio de alelos por SSR calculado a partir do valor dado por Ghislain et al. (2004) em diferentes cultivares de batata variou de 2,6 a 17,5, dependendo da cultivar do grupo testado. Mathias et al. (2007) observaram uma variação de dois a 17 alelos/loco na avaliação de 71 genótipos do INIA, Chile com 21 locos SSR, concordando com Fu et al. (2009) que também observaram dois a 17 alelos por loco na avaliação de 114 acessos canadenses e 55 acessos exóticos de batata com 36 locos SSR. Os valores encontrados no presente estudo, variando de dois a 13 alelos por loco, são, portanto, condizentes com a literatura.

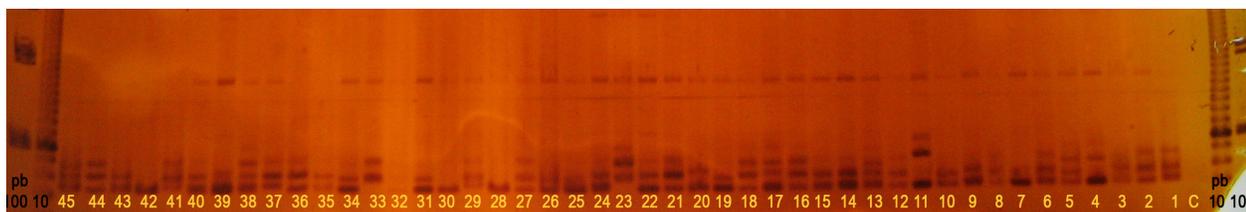


Figura 7 – Padrões de bandas de microssatélites, referentes aos genótipos pertencentes às respectivas coleções de batata (*Solanum tuberosum*) (1-15: Pirassu; 16-40: CNPH1; 41-45: EPAMIG; C = Controle em branco) utilizando o *primer* STM 0037

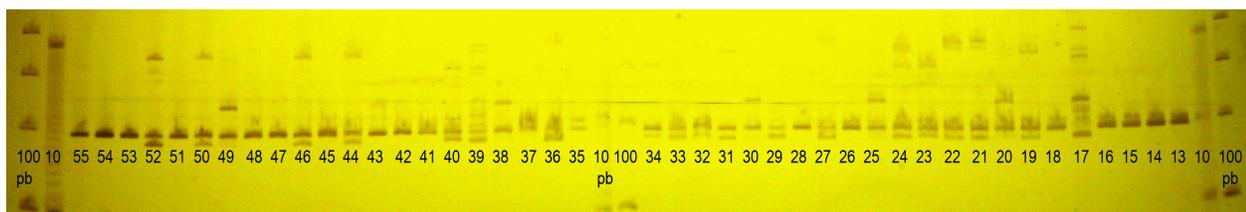


Figura 8 - Padrões de bandas de microssatélites, referentes aos genótipos pertencentes às respectivas coleções de batata (*Solanum tuberosum*) (13-15: Pirassu; 16-40: CNPH¹; 41-55: EPAMIG) utilizando o *primer* STM 2022

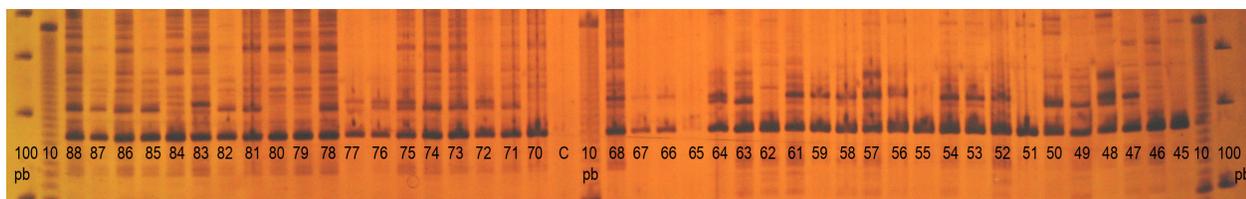


Figura 9 - Padrões de bandas de microssatélites, referentes aos genótipos pertencentes às respectivas coleções de batata (*Solanum tuberosum*) (45-64: EPAMIG; 65-98 CNPH²; C = Controle em branco) utilizando o *primer* STM3012

Os valores do conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) variaram de 0,86 a 0,19, com média de 0,55, sendo que o maior valor foi obtido para o iniciador STM0019a e o menor para o iniciador STM1053 (Tabela 3), mostrando em geral que os iniciadores de SSR utilizados neste estudo apresentaram, em média, um elevado nível de informação. Os valores do PIC também corresponderam aos valores de heterozigidade esperada (H_e), ou seja, quanto maior o PIC maiores os valores de H_e , característica essa desejável, na medida em que possibilita uma melhor aferição a respeito da segregação dos alelos nas gerações seguintes. Assim, valores de PIC revelaram o

poder discriminatório do marcador por considerar o número de alelos por loco bem como a frequência relativa desses alelos.

Estudos realizados por Ghislain et al. (2006) com marcadores do tipo SSR e *random amplified polymorphic DNA* (RAPD) exploraram o uso destes marcadores para formar um núcleo de uma coleção de cultivares de batata. Considerando que os iniciadores (*primers*) utilizados no presente estudo foram os mesmos utilizados por Ghislain et al (2006), os valores de PIC diferiram significativamente, sendo que STM0019a; STM0037; STM1049; STM2022; STM3012 e STPoAc58 apresentaram valores de PIC superiores e para STM1053; STM1104; STM1106; STM2013, os valores de PIC foram inferiores. Na comparação de ambos os marcadores, apenas 52 marcadores tipo RAPD dos 79 originais foram informativos dentro desta amostra, enquanto que os 22 marcadores SSR utilizados para a avaliação dos 128 acessos da coleção do grupo *Phureja* produziram 150 alelos de SRR, onde 145 destes 150 alelos foram polimórficos. Estes resultados revelam o poder de detecção de polimorfismos de marcadores SSR em comparação com marcadores RAPD.

Valores semelhantes foram obtidos por Rocha (2008), variando de 0,21 a 0,97 os valores de PIC na avaliação de 16 cultivares de batata com 21 iniciadores SSR. Mathias et al. (2007), observaram uma variação para o PIC de 0,42 a 0,90 para um total de 71 genótipos de batata e 21 locos SSR. Já Fu et al. (2009) observaram valores bem inferiores de PIC, variando de 0,01 a 0,49, na avaliação de 114 acessos canadenses e 55 acessos exóticos de batata com 36 locos SSR. Portanto, o nível de informatividade depende do conjunto de iniciadores utilizado e também do material avaliado. Esses autores concluíram que os acessos canadenses apresentam uma estreita base genética, sendo que os acessos exóticos apresentaram maior variabilidade.

Os altos níveis de polimorfismo e de heterozigosidade nas regiões de microssatélites de *Solanum tuberosum* sugerem que os marcadores moleculares SSR podem ser uma ferramenta útil para detectar as diferenças genéticas entre as cultivares avaliadas. Os microssatélites medem a variação genética para locos que são neutros, uma vez que as repetições em tandem estão geralmente localizadas em segmentos não-codantes do DNA. Uma ampla variedade de métodos está disponível para medir a

diversidade genética nas seqüências de bases do DNA, sendo os microssatélites o método atualmente preferido.

Tabela 3 - Iniciadores específicos para a batata¹ (*Solanum tuberosum*), utilizados neste estudo, incluindo o número observado de alelos por loco, a temperatura de anelamento (T°C), o tamanho em pb, a heterogozidade esperada e o conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) por loco (GHISLAIN et al., 2006)

Loco	Nº de alelos	T°C	Tamanho pb	H_e	PIC
STM0019a	13	54,3	160-280	0,8725	0,8594
STM0037	6	56,1	70-100	0,7256	0,6796
STM1049	4	61,6	190-240	0,5870	0,5063
STM1053	2	60	180-190	0,2091	0,1873
STM1104	2	60	170-180	0,4834	0,3666
STM1106	5	60	150-180	0,6363	0,5657
STM2013	3	60	145-160	0,6148	0,5330
STM2022	6	64	170-230	0,6094	0,5585
STM3012	3	66	170-210	0,5899	0,5244
STPoAc58	6	63	240-285	0,7439	0,7049

As expressões diferenciadas dos caracteres de acordo com as situações de cultivo indicam a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos relativos à pressão de seleção aplicada em cada geração. A diversidade genética do loco ou índice do conteúdo polimórfico (PIC) é uma estimativa utilizada para avaliação do poder discriminatório de um loco. A maior informatividade de uma classe de marcadores define sua maior eficiência em detectar polimorfismos entre os indivíduos (RAFALSKI et al., 1996). Vários estudos moleculares em populações, baseados em marcadores

multialélicos, se destinam a quantificar o grau de informação associado aos alelos e/ou locos amplificados, permitindo uma melhor compreensão da dinâmica da diversidade genética inter ou intrapopulacional. Informações sobre a diversidade ajudam a elucidar processos evolutivos das espécies, direcionarem ações de conservação genética e de técnicas de melhoramento. Medidas descritivas fornecem uma idéia inicial de como se encontra o polimorfismo genético intrapopulacional.

Com relação às análises de agrupamento, o dendrograma apresentado na Figura 10 representa as variedades de cultivo comercial, material fornecido pela Empresa Pirassu, localizada no município de Vargem Grande do Sul-SP (Tabela 1). O coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,41 a 0,93, indicando uma significativa variabilidade genética para a coleção. Os valores apresentados referente às porcentagens representam o grau de confiança dos agrupamentos formados, gerados pelas análises do *Bootstrap*. Observou-se a formação de três grupos. O primeiro grupo foi formado pelas cultivares: Atlantic e Atlantic (Ch), Mondial, Agata, Pirassu, Itararé, Panda, Monalisa, Cupido, Santè, Asterix, Fianna, Spunta. Observou-se que dentro deste grupo, para as variedades Atlantic (Canadá) e Atlantic (Chile), as quais se tratam da mesma cultivar, porém provenientes de lugares distintos, sugere-se a presença de uma duplicata, com um grau de confiança de 98%, com grande possibilidade de ser o mesmo material genético. O segundo grupo inclui a cultivar Lady Rosetta, apresentando grau de confiança de 61%; o terceiro grupo, formado pela cultivar HPC-7B, mostrou-se como o mais divergente a 41% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard. Diante disto, pode-se evidenciar também que, quanto maior a distância apresentada pelo coeficiente de similaridade de Jaccard, mais distante é a variedade das demais. Collares, Choer e Pereira (2004) ao caracterizarem 27 genótipos de batata utilizando marcadores moleculares RAPDs e isoenzimas, com relação aos agrupamentos formados baseados em apenas quatro *primers* (RAPDs) observaram cerca de 75% de similaridade pelo coeficiente de Jaccard. Apesar das diferenças observadas nas análises de proteína e de isoenzimas, em tubérculos e em folhas, não foi possível a caracterização de todos os genótipos por esta técnica, enquanto os marcadores RAPD, onde cada genótipo consistiu a partir de folhas jovens, mostram-se eficientes em caracterizar as cultivares e clones de batata. A etapa de extração de DNA é de

extremamente importante, o DNA extraído a partir de folhas jovens apresentam amostras de qualidade superior quando comparado a outras partes utilizadas como, por exemplo, os tubérculos, além de serem mais facilmente extraídos.

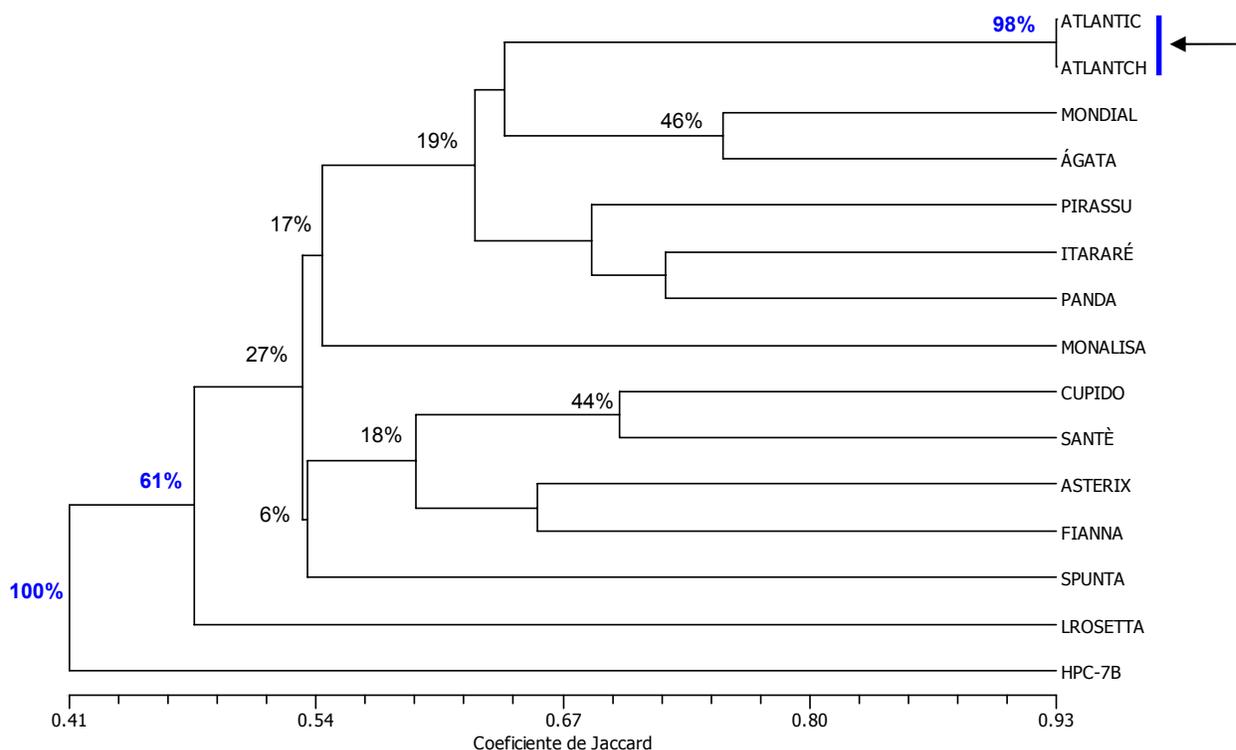


Figura 10 - Dendrograma obtido pelo método aglomerativo *UPGMA*, coeficiente de similaridade de Jaccard e índice de confiança obtido pelo método de *Bootstrap* para 15 acessos de batata da coleção de cultivares comerciais da Empresa Pirassu, Vargem Grande do Sul, SP

O dendrograma apresentado na Figura 11 representa os clones utilizados em Programa de Melhoramento da Batata, EMBRAPA – CNPH¹ (Tabela 1). O coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,42 a 0,89, indicando uma significativa variabilidade genética para a coleção. Observou-se a formação de três grupos: o primeiro grupo formado por grande parte da coleção, com grau de confiança de 71%. Entretanto, dentro deste grupo, sugeriu-se a presença de uma duplicata para os clones 67-2 e 17-10, com grau de confiança de 87%. Há também clones que se mostraram mais próximos como os clones: 386-7 e 388-37 com grau de confiança de 77%; 2274-3 e 2242-2 grau de confiança de 50%. O segundo grupo foi formado pelos clones: 2254-8, 804-2 e 25-1, sendo que os clones 804-2 e 25-1 mostraram-se mais próximos, com

grau de confiança de 63% e aproximadamente 80% de similaridade pelo coeficiente de Jaccard. O terceiro grupo foi formado pelo clone 383-19, o qual se mostrou como o material mais divergente desta coleção, a 42% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard. Provavelmente, o clone que se apresentou mais divergente (383-19) pode representar um parental em potencial no auxílio do melhoramento genético.

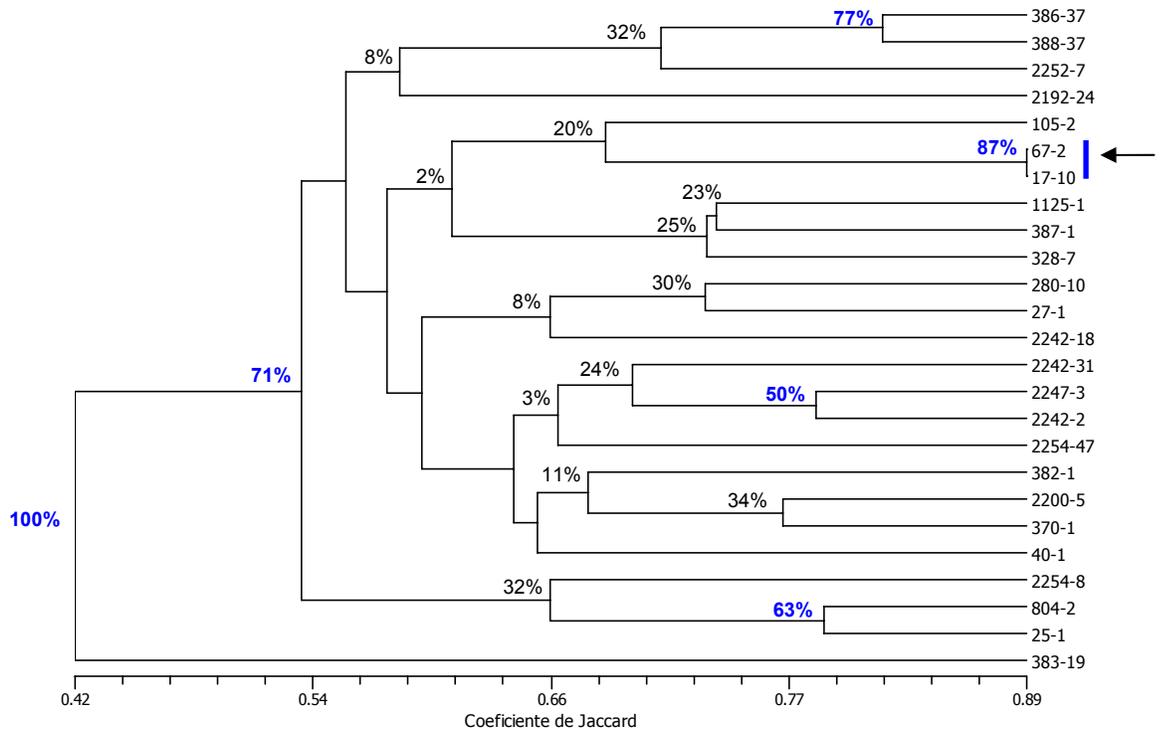


Figura 11 – Dendrograma obtido pelo método aglomerativo *UPGMA*, coeficiente de similaridade de Jaccard e índice de confiança obtido pelo método de *Bootstrap* para 25 acessos de batata da coleção de clones do Programa de Melhoramento da Batata da EMBRAPA CNPH¹, Brasília, DF

Com relação à Figura 12, o dendrograma representa as cultivares de cultivo comercial, material fornecido pela Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG) (Tabela 1). O coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,51 a 0,91, indicando menor variabilidade genética que as coleções apresentadas anteriormente (Figuras 5 e 6), mas ainda significativa. Observou-se a formação de dois grupos, sendo que o primeiro incluiu praticamente toda a coleção, exceto as cultivares Naturella, Catucha e Éden, as quais foram classificadas em um segundo grupo, com 100% de confiabilidade. Para o primeiro grupo, sugere-se a presença de duplicata, com similaridade genética de 91% e um grau de confiança de 68% para as variedades

Colorado e Agata. Resultado semelhante foi encontrado por Rocha (2008), onde as mesmas cultivares apresentaram similaridade genética de 69%. Entretanto, aparentemente estas variedades não possuem progenitores em comum, assim como também não apresentam características agronômicas e morfológicas similares, ou seja, 'Colorado' possui tubérculos de formato oval-alongado e pele vermelha-fosca, enquanto que 'Agata' possui tubérculos de formato oval e pele amarela. No entanto, a possibilidade de mistura de materiais não é descartada.

Observou-se também que a cultivar Monalisa tende a se agrupar com Emerald com um grau de confiança de 33% e coeficiente de similaridade 80%. Brs/Elisa agrupa-se com estas duas cultivares, porém com um grau de confiança de 10% e coeficiente de similaridade de aproximadamente 74%. Em estudo realizado por Rocha et al. (2002), utilizando 10 *primers* com a técnica de RAPD, para os pares de cultivares 'Monalisa' e Brs/Elisa' o agrupamento ocorreu de forma mais evidenciada, entretanto apesar de apresentarem semelhanças perante os tubérculos, não apresentam genitores em comum, sendo que uma cultivar é de origem européia (Monalisa) e Brs/Elisa foi obtida pelo Programa de Melhoramento Genético da Batata (EMBRAPA) no Brasil. Notou-se também que algumas cultivares apresentaram-se mais próximas dentro do grupo, como Chipie e Melody, com aproximadamente 89% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard e grau de confiança de 57%, Voyager e Gourmandine com um grau de confiança 55%, e Eloé e Caesar com um grau de confiança de 68%. No grupo 2, a variedade Éden apresentou-se como mais próxima das cultivares Naturella e Catucha.

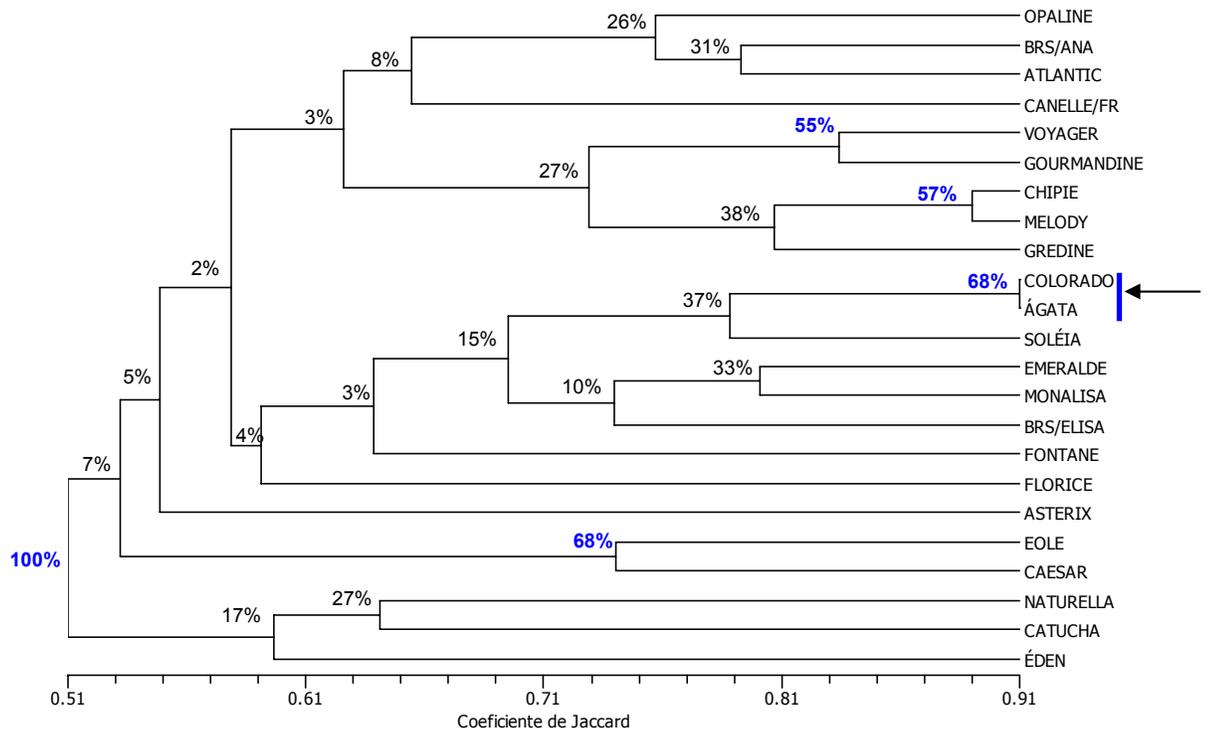


Figura 12 - Dendrograma obtido pelo método aglomerativo *UPGMA*, coeficiente de similaridade de Jaccard e índice de confiança obtido pelo método de *Bootstrap* para 23 acessos de batata da coleção de cultivares comerciais da EPAMIG

Na Figura 13, o dendrograma representa os clones utilizados em Programa de Melhoramento da Batata, EMBRAPA – CNPH² (Tabela 1). O agrupamento dos clones apresentou uma variação de 0,52 a 0,91 pelo coeficiente de similaridade de Jaccard, indicando o mesmo nível de variabilidade genética observado para a coleção da EPAMIG (Figura 12). Os clones foram classificados em dois grupos, o primeiro contendo os clones 9, 201, 265, 5 e 21, enquanto que o segundo classificou os demais clones desta coleção. Dentro do primeiro grupo, os materiais mais próximos, com aproximadamente 90% de similaridade e 75% de confiabilidade no grupo formado, foram os clones 5 e 21, que estão também mais próximos do clone 265 com um grau de confiança de 50%. Os clones 9 e 201, com um grau de confiança de 62%, também se mostraram mais próximos entre si. Já no segundo grupo, observa-se a presença de uma possível duplicata para os clones 253 e 266, com 91% de similaridade genética e um grau de confiabilidade de 59%. Os clones 451 e 846 também se mostraram mais próximos, com um grau de confiança 80%, separando estes clones dos demais. E os clones 582 e 511 também mostraram-se mais próximos entre si, com elevada

similaridade genética e 46% de confiabilidade. Os 26 acessos de clones apresentaram vários pares de agrupamento dentro da coleção conferindo uma similaridade genética próxima a 74. Já o clone 299 mostrou-se como o mais divergente a aproximadamente 54% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard, podendo destacar-se como um material interessante no auxílio do melhoramento genético.

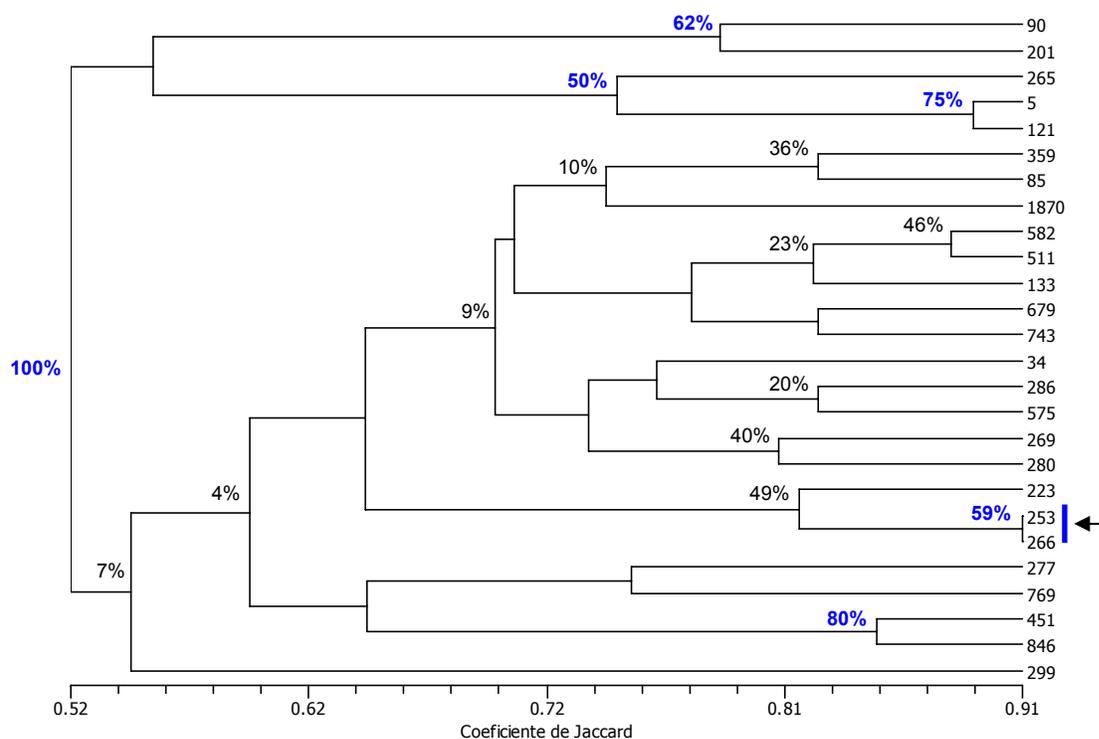


Figura 13 - Dendrograma obtido pelo método aglomerativo *UPGMA*, coeficiente de similaridade de Jaccard e índice de confiança obtido pelo método de *Bootstrap* para 26 amostras de batata da coleção de clones do Programa de Melhoramento da Batata da EMBRAPA CNPH²

O dendrograma representado pela Figura 14 refere-se às cultivares que foram submetidas ao cultivo orgânico, onde o coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,50 a 0,88. Este material foi classificado em dois grupos, sendo que um deles envolveu todos os materiais, exceto 'Éden', que ficou isolada em outro grupo, com 100% de confiabilidade. Dentro do grande grupo formado, observou-se a presença de uma possível duplicata para 'Melody' e 'APTA 21-54' com 88% de similaridade genética e com um grau de confiança de 44%. Esta coleção também inclui um material não identificado (NI*) e observou-se que este material agrupou-se a cultivar Aracy com um grau de confiança de 28%. Havia a hipótese de que este material (NI*) tratava-se da

cultivar Aracy, pois características morfológicas semelhantes foram encontradas nos respectivos acessos. As análises moleculares indicam que há grande proximidade entre estes materiais, com aproximadamente 85% de similaridade genética, porém o agrupamento entre ambas apresentou um grau de confiança inferior a 50%, sendo assim a hipótese de uma duplicata foi descartada. 'Asterix' agrupou-se com a cultivar APTA 15-20 com cerca de 80% de similaridade e um grau de confiança de 42%. Asterix e Catucha já foram caracterizadas por marcadores RAPD (COLLARES; CHOER; PEREIRA, 2004) e com relação aos agrupamentos formados resultados semelhantes foram encontrados, com as duas cultivares pertencendo a diferentes subgrupos. A maior similaridade, aproximadamente 70%, foi observada entre as cultivares do mesmo país de origem, embora não apresentem genitores em comum, tais como Catucha (EMBRAPA e EPAMIG), Itararé (IAC) e Aracy Ruiva (IAC), as quais foram desenvolvidas no Brasil. Apesar de Aracy ruiva ser originária de uma mutação decorrente da Aracy, apresenta-se em subgrupos distintos dentro desta coleção. A cultivar Éden, originária da França, se mostrou como o material mais divergente da coleção com 50% de similaridade pelo coeficiente de similaridade de Jaccard, seguida da cultivar Caesar, a qual também se mostrou divergente das demais com aproximadamente 54% de similaridade pelo coeficiente de Jaccard. É interessante observar que estas duas cultivares, apesar de distintas, apresentam resistência ao nematóide dourado (*Globodera Rostochiensis*), característica esta desejável.

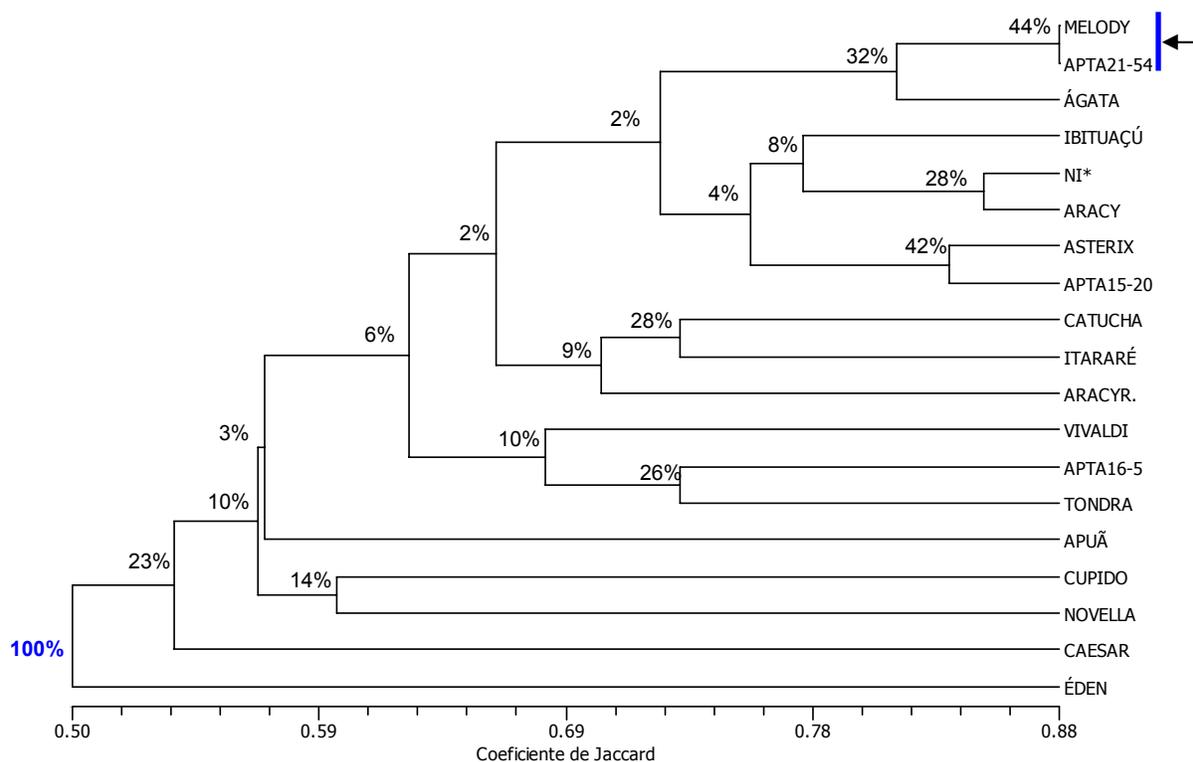


Figura 14 - Dendrograma obtido a partir do coeficiente de similaridade de Jaccard, pelo método aglomerativo *UPGMA* e grau de confiança pelo método de *Bootstrap*, para 19 acessos de batata da coleção de clones do cultivo orgânico

O dendrograma representado pela Figura 15 refere-se às cultivares comerciais pertencentes às coleções da Empresa Pirassu e da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG) (Tabela 1). O coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,41 a 0,93, mostrando uma significativa variabilidade genética para o conjunto de variedades comerciais avaliado, maior que para o conjunto de 16 cultivares brasileiros avaliados com 16 locos SSR por Rocha (2008), cujo coeficiente de Jaccard variou de 0,57 a 0,73. Braun e Wenzel (2004) observaram um total de 128 bandas SSR e 98,4% de polimorfismo num conjunto de 47 genótipos do programa de melhoramento na Alemanha, cujo coeficiente de similaridade de Nei e Li (1979) variou de 0,57 a 0,79, mostrando menor variabilidade que os cultivares utilizados no presente estudo. Resultado semelhante foi obtido por Barandalla et al. (2006) na avaliação de 41 cultivares da Ilha de Tenerife com 19 locos SSR, cujo coeficiente de Jaccard variou de 0,57 a 1,00. Resultados semelhantes gerados para 39 cultivares de batata utilizando AFLP (2 *primers*) e SSR (5 pares de *primers*) foram altamente reprodutíveis. A

reprodutibilidade do método de SSR encontrada foi de 100%, enquanto que apenas um fragmento encontrado pelo AFLP não foi reprodutível (% de reprodutibilidade = 99,6) (Mc GREGOR et al., 2000). Formaram-se três grupos dentro desta coleção, sendo que o primeiro formou-se com um grau de confiança de 53% composto por todas as cultivares exceto 'Lady Rosetta' e 'HPC-7B', sendo que o segundo incluiu a cultivar Lady Rosetta, com um grau de confiança de 53% obtido pelo método de *Bootstrap*, e o terceiro a cultivar HPC-7B, com 100% de confiabilidade. Dentro desta coleção novamente foi observado a presença de uma duplicata com grau de confiança de 97% para as cultivares Atlantic (Canadá) e Atlantic (Chile), confirmando resultados apresentados neste estudo com relação à coleção de cultivares comerciais da Empresa Pirassu (Figura 10). Também observou-se que 'Colorado' e 'Ágata' (JP/EPAMIG) apresentaram a máxima similaridade com um grau de confiança de 67% e aproximadamente 91% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard, confirmando o resultado apresentado pelo dendrograma da coleção referente ao material da EPAMIG (Figura 12), onde tais cultivares apresentaram uma possível duplicata. É interessante ressaltar que as amostras da cultivar Agata, provenientes de duas coleções distintas (EPAMIG e Pirassu), se mostraram geneticamente distintas, embora fazendo parte do mesmo grande grupo (grupo I). 'Agata' (Pirassu) apresentou-se mais próxima da 'Mondial', com cerca de 75% de similaridade e 47% de confiabilidade, cujo comportamento diferiu com relação a mesma cultivar da coleção da EPAMIG. 'Chipie' e 'Melody' também se mostraram bastante similares, com cerca de 90% de similaridade e 53% de confiabilidade neste agrupamento, seguidas das cultivares Voyager e Gourmandine, com 48% de confiabilidade e das cultivares Eole e Caesar que se agruparam com um grau de confiança de 59%. Essas duas últimas cultivares citadas são semelhantes com relação às características dos tubérculos, os quais são ovais, graúdos, pele amarela e moderadamente lisa e com olhos superficiais. 'Cupido' e 'Santè' também se mostraram próximas, com aproximadamente 70% de similaridade, porém grau de confiabilidade inferior a 50%, ou seja, com 47%. Vale considerar que há semelhanças encontradas nos tubérculos entre essas duas cultivares, os quais são grandes, ovais a redondo-ovalados e uniformes; pele amarela e lisa; polpa amarelo-claro.

O clone avançado HPC-7B obtida através do cruzamento entre *Solanum phureja* e *Solanum chacoense* se mostrou como o material mais divergente desta coleção, seguida da cultivar Lady Rosetta, as quais diferem com relação a algumas características, em especial com relação às doenças, pois enquanto que Lady Rosetta é suscetível à requeima (*Phytophthora infestans*), 'HPC-7B' apresenta alta resistência. Vale destacar que as maiores similaridades tendem a ocorrer entre os acessos referentes às respectivas coleções analisadas e não entre as duas coleções. No entanto, apesar deste comportamento observado, as mesmas interagiram bastante, comparando com os dendrogramas das demais coleções.

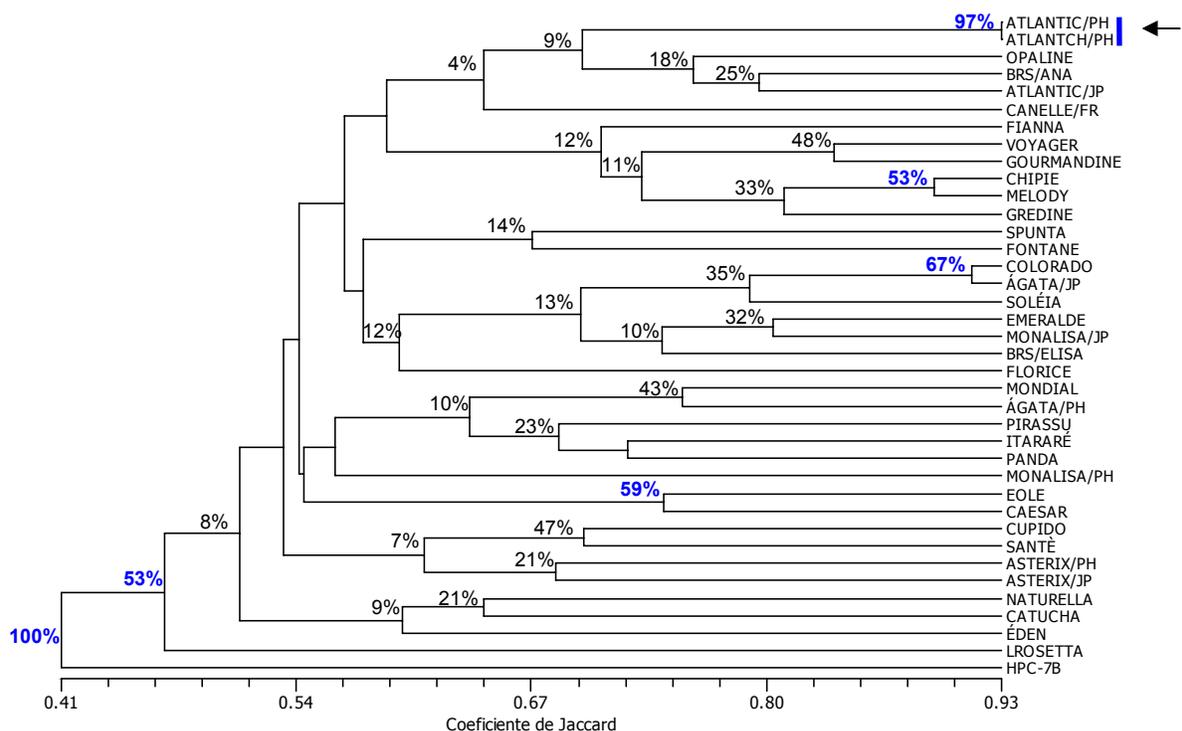


Figura 15 - Dendrograma obtido a partir do coeficiente de similaridade de Jaccard, pelo método aglomerativo *UPGMA* e grau de confiança pelo método de *Bootstrap*, para 38 acessos da coleção de cultivares comerciais (PIRASSU e EPAMIG)

Os 51 acessos analisados referentes à coleção de clones da EMBRAPA [CNPH¹ (E1) e CNPH² (E2)] apresentaram uma variação genética significativa de 0,45 a 0,91 pelo coeficiente de Jaccard (Figura 16). O dendrograma agrupou alguns clones, entretanto as coleções apresentaram materiais divergentes, notando-se que os

agrupamentos formaram-se de acordo com as coleções, ou seja, os acessos da coleção CNPH¹ agruparam-se preferencialmente entre eles e o mesmo ocorreu com os acessos da coleção CNPH², embora se considere que, com exceção do clone 383-19(E1), todos estes acessos façam parte de um único grande grupo.

Com relação às duas coleções, observou-se uma duplicata para os clones 253 e 266 com aproximadamente 91% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard e com grau de confiança de 56%, confirmando a duplicata representada pelo dendrograma da coleção de clones da EMBRAPA - CNPH² (E2) (Figura 13) apresentando o mesmo valor de coeficiente de similaridade de Jaccard (91%). Alguns clones apresentaram-se mais semelhantes com maior grau de similaridade, como os clones 386-7(E1) e 388-37(E1) com aproximadamente 81% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard e com grau de confiança de 73%; os clones 2274-2(E1) e 2242-2(E1) com aproximadamente 77% de similaridade pelo coeficiente de Jaccard e com grau de confiança de 51%; 451(E2) e 846(E2) com aproximadamente 84% de similaridade pelo coeficiente de Jaccard e com grau de confiança de 63%; os clones 67-2(E1) e 17-10(E1), que apresentaram alta similaridade com aproximadamente 88% pelo coeficiente de Jaccard e com grau de confiança de 78%; os clones 804-2(E1) e 25-1(E1), com aproximadamente 78% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard e com grau de confiança de 55%; os clones 90(E2) e 201(E2) com aproximadamente 78% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard e com grau de confiança de 54%.

'Lady Rosetta' e 'HPC-7B'. 'HPC-7B' e 'Lady Rosetta' apresentaram-se como as cultivares mais divergentes desta coleção, seguidas do clone 383-19 (E1). Observou-se que os clones das respectivas coleções tendem a se agrupar dentro das coleções, o mesmo comportamento ocorrendo para as cultivares comerciais. Entretanto, similaridades e divergências entre os acessos destas coleções servem de auxílio nos programas de melhoramento genético de batata.

O dendrograma apresentou alguns clones com maior similaridade como os clones 3867-1 (E1) e 388-37 (E1) com aproximadamente 82% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard e com 67% de grau de confiança; 253 (E2) e 266 (E2) com 58% de grau de confiança e com aproximadamente 91% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard, em seguida estes clones se agrupam com 299 com um grau de confiança de 50%. Dentro destas coleções o dendrograma sugere a presença de uma duplicata para o clone 387-1 e 'Voyager' com aproximadamente 93% de similaridade pelo coeficiente de Jaccard e com um grau de confiança de 64%. 'Chipie' e 'Melody' apresentam certa similaridade, porém com um grau de confiança inferior a 50%; já 'Colorado' e 'Agata' apresentam aproximadamente 91% de similaridade pelo coeficiente de Jaccard com um grau de confiança de 65%, como já visto nas Figuras 12 e 15. Entretanto, as cultivares Atlantic (Canadá) e Atlantic (Chile) não aparecem como duplicata e sim com um grau elevado de similaridade de aproximadamente 92% pelo coeficiente de Jaccard e com um grau de confiança de 83%; em seguida estas cultivares se agrupam com o clone 2242-31 (E1) com uma similaridade de aproximadamente 83% pelo coeficiente de Jaccard e com um grau de confiança de 54%. Os clones 2274-2 e 2242-2, ambos da Embrapa CNPH¹ (E1), agruparam-se com aproximadamente 78% de similaridade pelo coeficiente de Jaccard e com um grau de confiança de 53%; os clones 67-2 (E1) e 17-10 (E1) apresentaram uma similaridade de aproximadamente 88% pelo coeficiente de Jaccard e com um grau de confiança de 67%. Os clones 804-2 (E1) e 25-1 (E1) apresentaram um grau de similaridade de aproximadamente 79% pelo coeficiente de Jaccard e com um grau de confiança de 53%; os clones 90 (E2) e 201 (E2) apresentaram uma similaridade de aproximadamente 79% pelo coeficiente de Jaccard e com um grau de confiança de 55% e os clones 5 (E2) e 121 (E2) apresentaram uma

similaridade de aproximadamente 88% pelo coeficiente de Jaccard e com um grau de confiança de 73%.

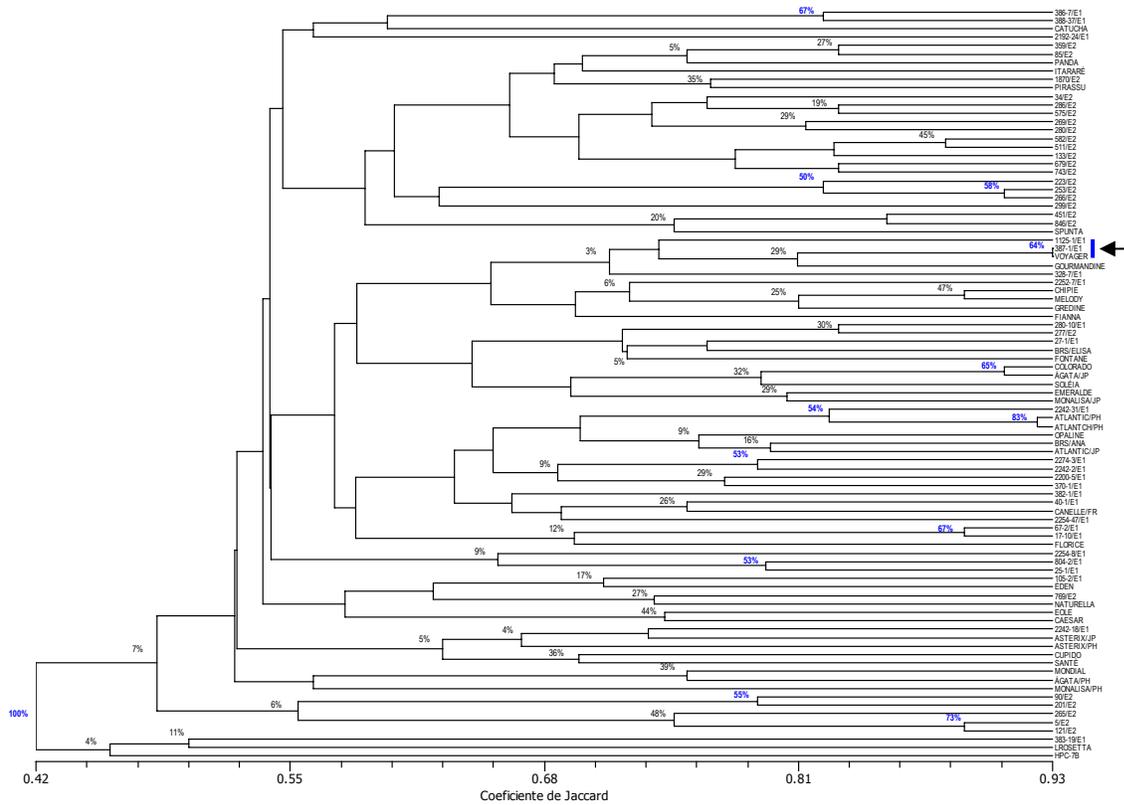


Figura 17 - Dendrograma obtido a partir do coeficiente de similaridade de Jaccard, pelo método aglomerativo *UPGMA* e grau de confiança pelo método de *Bootstrap*, para 89 acessos das coleções de clones da EMBRAPA CNPH¹ (E1) e EMBRAPA CNPH² (E2) e comerciais (Pirassu e EPAMIG)

Os 57 acessos analisados referentes às coleções de cultivares orgânicos e comerciais (Empresa Pirassu e EPAMIG) foram os que apresentaram a maior variação genética pelo coeficiente de Jaccard, de 0,39 a 0,93 (Figura 18). O dendrograma formou três grupos distintos, o primeiro formado por toda a coleção exceto: Apuã, Cupido, Santè e Lady Rosetta, que foram classificados num segundo grupo com grau de confiança de 54%; e a cultivar HPC-7B, classificada num terceiro grupo, apresentando-se como a mais divergente de toda a coleção. Os acessos que apresentaram maior similaridade foram: Colorado e Agata a aproximadamente 92% pelo coeficiente de Jaccard com um grau de confiança de 67%; Chipie e Melody a aproximadamente 90% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard e com um grau de

confiança de 52%, embora as mesmas não apresentem semelhanças nem com relação à aparência dos tubérculos. O dendrograma também sugeriu uma duplicata para 'Atlantic' (Canadá) e 'Atlantic' (Chile), acessos referentes à coleção da Empresa Pirassu, com aproximadamente 93% de similaridade pelo coeficiente de Jaccard e com um grau de confiança de 96%. Entretanto, é interessante ressaltar que as coleções tendem a agrupar-se entre si, ou seja, as cultivares referentes ao cultivo orgânico aparecem mais próximas entre elas e o mesmo comportamento serve para as cultivares comerciais. Entretanto, 'Cupido', 'Novella', 'Éden' e 'Caesar', referentes à coleção de cultivo orgânico, se agruparam com as cultivares comerciais.

Os marcadores AFLP, RAPD e SSR foram utilizados para analisar geneticamente as relações entre 16 cultivares de batata provenientes do noroeste europeu, sendo que para a genotipagem foram utilizadas cinco combinações de *primers* AFLP, 14 *primers* RAPD e 17 pares de *primers* SSR. As três abordagens identificaram com sucesso as 16 cultivares utilizando apenas um ensaio, sendo que os SSR apresentaram um poder de discriminação maior e maior media de diversidade genética quando comparado com os locos de AFLP e RAPD (MILBOURNE et al., 1997).

Atualmente os marcadores SSR vêm sendo bastante utilizados para avaliar genótipos de batata. Milbourne et al. (1998) publicou um conjunto de 112 *primers* SSR para batata localizados em 12 cromossomos do genoma. Ghislain et al. (2004) utilizaram 22 marcadores SSR para analisar mais de 900 acessos nativos de batata dos Andes pertencentes a oito espécies diferentes de *Solanum*.

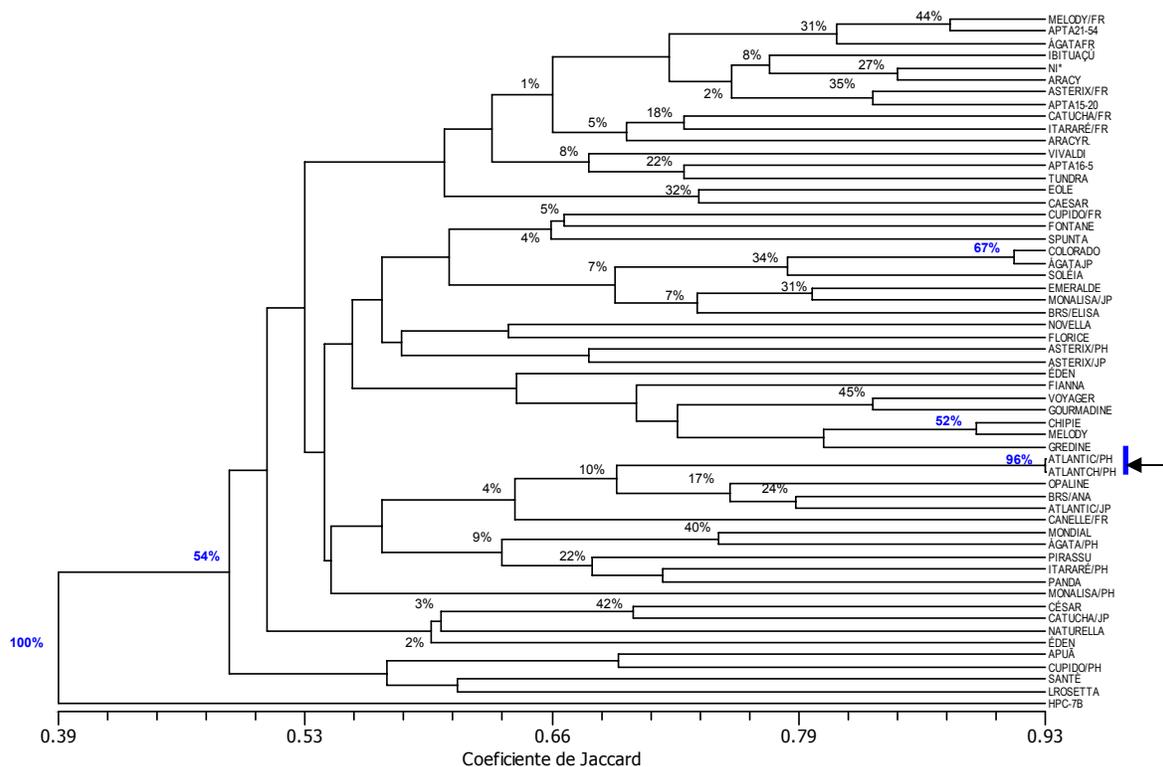


Figura 18 - Dendrograma obtido a partir do coeficiente de similaridade de Jaccard, pelo método aglomerativo *UPGMA* e grau de confiança pelo método de *Bootstrap*, para 57 acessos das coleções de cultivares orgânicos e comerciais (Empresa Pirassu e EPAMIG)

Os 108 acessos analisados referentes às cinco coleções apresentaram uma significativa variação genética pelo coeficiente de Jaccard, de 0,42 a 0,93 (Figura 19). Algumas similaridades foram observadas neste dendrograma global, onde 'ATLANTIC' e 'ATLANTIC' (Chile) não apareceram como duplicata, entretanto apresentaram elevado grau de similaridade com aproximadamente 92% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard, com um grau de confiança de 87%; em seguida o clone 2242-31 (E1) agrupou-se a estas variedades com um grau de confiança de 53%. Os clones 2274-3 (E1) e 2242-2 (E1) apresentaram um grau de confiança de 51%; os clones 67-2 (E1) e 17-10 (E1) apresentaram um grau de confiança de 67%. Diante deste dendrograma sugeriu-se uma duplicata para o clone 387-1 e 'Voyager' com um grau de confiança de 64% e 93% pelo coeficiente de similaridade de Jaccard. 'Colorado' e 'Agata' mais uma vez apresentaram-se próximas com um grau de confiança de 65%, assim como os clones: 804-2 (E1) e 25-1 (E1) com um grau de confiança de 52%; 386-7 (E1) e 388-37 (E1) com um grau de confiança de 66%. Há dois grupos formados, o primeiro incluiu todos

os acessos das coleções, exceto 'HPC-7B', da Empresa Pirassu, SP, e o clone 383-19 (E1), da Embrapa CNPH¹, os quais foram classificados num segundo grupo isolado dos demais, mostrando-se como os mais divergentes entre todos os acessos.

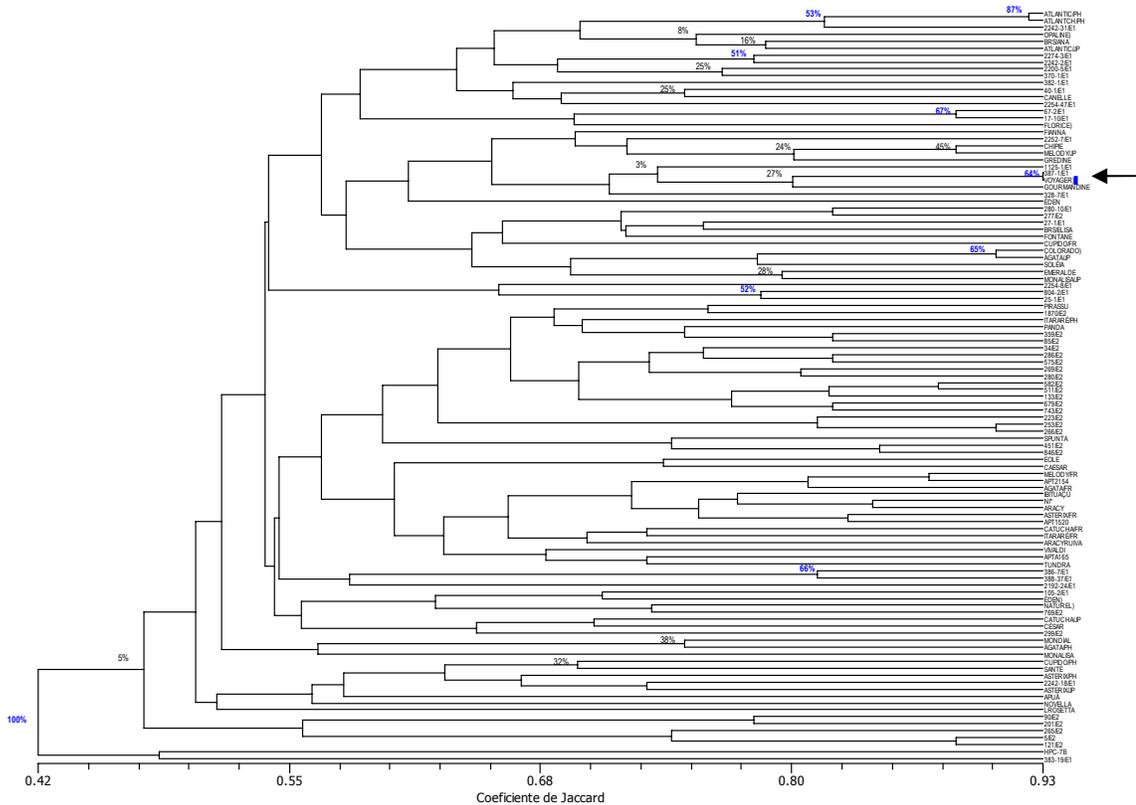


Figura 19 – Dendrograma Global obtido a partir do coeficiente de similaridade de Jaccard, pelo método aglomerativo *UPGMA* e grau de confiança pelo método de *Bootstrap*, para 108 acessos

A maior variação genética foi obtida pelo dendrograma que representou as coleções de cultivo orgânico e comerciais, cujo coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,39 a 0,93. Apesar da coleção de cultivo orgânico também conter cultivares comerciais, os acessos referentes ao cultivo orgânico se agruparam entre si, exceto para as cultivares Novella, Éden, Caesar e Apuã, que tendem a se agruparem com as variedades comerciais.

Após analisar todos os dendrogramas, verificou-se que os acessos que se apresentaram de modo mais divergente foram os mesmos, destacando-se entre eles: Lady Rosetta e HPC-7B referentes às variedades comerciais estudadas e como clone o acesso mais divergente foi o 383-19 (E1). De acordo com os resultados apresentados pelos respectivos dendrogramas podemos observar que a origem pode influenciar no

comportamento de uma cultivar, já que as coleções são de lugares distintos, o que explica o fato das mesmas cultivares se apresentarem significativamente de modo diferente. Diante disso, foi importante avaliar os dendrogramas para cada coleção, tornando melhor a visualização das similaridades e das divergências apresentadas para os acessos. Entretanto, o perfil genotípico de cada cultivar, resultante da combinação dos 10 locos SSR analisados, foi único. Mesmo com a análise de um número relativamente pequeno de locos SSR, foi possível discriminar e caracterizar cultivares de batata de acordo com a origem apresentada e relacionada às respectivas coleções. Os dados obtidos pelos marcadores moleculares SSR para os acessos representam confiabilidade dos resultados apresentados dentro e entre as coleções. As duplicatas sugeridas indicam a grande possibilidade dos acessos pertencerem ao mesmo material genético ou mostram a grande similaridade existente entre eles, evitando as sinonímias presentes nas coleções e nos bancos de germoplasma. É importante conservar os materiais provenientes dos centros de origem e identificar os genes resistentes às doenças para poder transferir as características desejáveis as espécies cultivadas atualmente.

Os dados apóiam a adoção de marcadores SSR como informações precisas referentes aos acessos de bancos de germoplasma e aos programas de melhoramento genético. As análises através dos SSR apresentam a capacidade de distinguir entre dois locos, a qual é ainda reforçada pela natureza co-dominantes dos marcadores, embora neste estudo este marcador foi considerado como dominante em função do elevado grau de ploidia. Os níveis de polimorfismo apresentados pela espécie são elevados, sendo que nas análises cada alelo é considerado como caráter único e, no caso da batata ser uma espécie tetraplóide, cada indivíduo pode apresentar de um a quatro alelos diferentes em um loco. Isto contribui para um elevado índice de diversidade genética, calculado pelo método indicado. Associada à alta reprodutibilidade dos marcadores SSR, os resultados obtidos no presente trabalho sustentam a utilização destes marcadores como ferramenta importante na caracterização molecular de variedades submetidas nos processos de seleção de materiais mais promissores.

5 CONCLUSÕES

- Os acessos tendem a se agruparem dentro das coleções.
- Os marcadores microssatélites detectaram ampla variabilidade genética em todas as coleções.
- Lady Rosetta e HPC-7B mostraram-se como os acessos mais divergentes, comparado com os demais.
- o clone 383-19 (Embrapa – CNPH¹) apresentou-se como o mais divergente de todos.
- Os dados sugerem a possibilidade das variedades Atlantic (Canadá) e Atlantic (Chile) serem duplicatas, apresentando grau de confiança elevado e a máxima similaridade.
- Possíveis duplicatas foram observadas para os clones 67-2 e 17-10 (EMBRAPA - CNPH¹) e para os clones 253 e 266 (EMBRAPA - CNPH²), ambas com grau de similaridade elevado.

REFERÊNCIAS

- ACCATINO, P.; MALAGAMBA, P. Potato production from true seed. In: CENTRO INTERNACIONAL DE LA PAPA. **Annual Report 1982**. Lima, 1982.
- AMARO, G.B.; PINTO, C.A.B.P.; LAMBERT, E.S.de.; MARTINS NETO, C.L. Seleção precoce de clones de batata para caracteres do tubérculo. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 3, p. 585-589, maio/jun. 2003
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DA BATATA (ABBA). A batata: valor nutricional. Disponível em: <http://www.abbabatatabrasileira.com.br/alim_valornutricional.htm>. Acesso em: 20 dez. 2008.
- BARANDALLA, L.; RUIZ DE GALARRETA, J.I.; RIOS, D.; RITTER, E. Molecular analysis of local potato cultivars from Tenerife Island using microsatellite markers. **Euphytica**, Berlin, v. 152, p. 283–291, 2006.
- BARKER, A. **Manual prático da batata**. Lisboa: Ed. Estampa, 2002. 256 p.
- BASSAM, B.J.; CAETANO-ANOLLÉS, G.; GRESSHOFF, P.M. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. **Analytical Biochemistry**, Bethesda, v. 196, p. 80-83, 1991.
- BEUKEMA, H.P.; ZAAG, D.E. van der. **Introduction to potato production**. Wageningen: PUDOC, 1990. 207 p.
- BISOGNIN, D.A. Melhoramento de batata para resistência à doenças. In: PEREIRA, A.S. da; DANIELS, J. (Ed.). **O cultivo da batata na região Sul do Brasil**. Brasília: EMBRAPA, 2003. p. 125-142.
- BHERING, L.L. **Seleção assistida por marcadores para a qualidade de processamento em batata**. 2006. 98 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.
- BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. (Ed.). **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV, 2006. 374 p.
- BRADSHAW, J.E.; DALE, M.F.B.; SWAN, G.E.L.; TODD, D.; WILSON, R.N. Early-generation selection between and within pair crosses in a potato (*Solanum tuberosum* L) breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, p. 1331-1339, 1998.
- BRAUN, A.; WENZEL, G. Molecular analysis of genetic variation in potato (*Solanum tuberosum* L.). I. German cultivars and advanced clones. **Potato Research**, Wageningen, v. 47, p. 81-92, 2004.
- BRIGGS, F.N.; KNOWLES, P.F. **Introduction to plant breeding**. New York: Reinhold, 1967. 426 p.

BROWN, C.R. A native American technology transfer: the diffusion of potato. **HortScience**, Alexandria, v. 3, p. 817-821, 1999.

BROWN, J.; DALE, M.F.B.; MACKAY, G.R. General adaptability of potato genotypes selected in the UK for the Mediterranean region. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 126, n. 4, p. 441-448, 1996.

BRUSH, S.B. CARNEY, H.J.; HUAMÁN, Z. Dynamics of Andean potato agriculture. **Economic Botany**, New York, v. 35, p. 70-88, 1981.

BRÜCHER, H. El origen de la papa (*Solanum tuberosum*) **Physis**, Buenos Aires, v. 24, p. 439-452, 1964.

BRUSH, S.; KESSELI, R.; ORTEGA, R.; CISNEROS, P.; ZIMMERER, K.; QUIROS, C. Potato diversity in the Andean Center of Crop Domestication. **Conservation Biology**, Cambridge, v. 9, n. 5, p. 1189-1198, 1995.

BUKASOV, S.M. Die Kulturarten der Kartoffel und ihre wild-wachsender Vorfahren **Z. Pflanzenzücht**, v. 55, p. 139-164, 1966

_____. Cultivated potato species. In: BUKASOV, S.M. (Ed.). **Flora of cultivated plants**. Leningrad: Kolos, 1971. Chap. 1, p. 5-40.

CAIXETA, E.T.; OLIVEIRA, A.C.B. de; BRITO, G.G. de; SAKIYAMA, N.S. Tipos de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. (Ed.). **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV, 2006.

CALDIZ, D.O. Genetic improvement and association with physiological changes in the potato. In: SLAFER, G.A. (Ed.) **Genetic improvement of field crops**. New York: Marcell Dekker, 1994. p. 361-411.

COELHO, A.S.G. **BOOD**: avaliação de dendrogramas baseados em estimativas de distâncias/similaridades genéticas através do procedimento de bootstrap, v. 2.0. Goiânia: Universidade Federal de Goiás, Instituto de Ciências Biológicas, Departamento de Biologia Geral, 2001.

COIMBRA, R.R., MIRANDA, G.V., MOREIRA, G.R., SILVA, D.J.H., CRUZ, C.D., CARNEIRO, P.C.S., SOUZA, L.V., GUIMARÃES, J.M., MARCASSO, R.C., CANIATO, F.F. Divergência genética de cultivares de milho baseada em descritores qualitativos. In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 2001, Londrina. **Anais...** Londrina: Sirgealc. 2001. p. 401-402.

COLLARES, E.A.S.; CHOER, E.; PEREIRA, A.S. da. Characterization of potato genotypes using molecular markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 9, p. 871-878, set. 2004

COOMBS, J.J.; FRANK, L.M.; SOUCHES, D.S. An applied fingerprint systems for cultivated potato using simple sequence repeats. **American Journal of Potato Research**, Orono, v. 81, p. 243-250, 2004.

CRIBB; P.J.; HAWKES, J.G. Experimental evidence for the origin of *S. tuberosum* subsp. *andigena*. In: DARCY, W.G. (Ed.) **Solanaceae: biology and systematics**. New York: Columbia University Press, 1986. p. 383-404.

CRUZ, C.D.; CASTOLDI, F.L. Decomposição da interação genótipo x ambiente em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 38, p. 422-430, 1991.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa; UFV, Imprensa Universitária, 2001. 390 p.

ENGEL, F. Exploration of the Chilca Canyon, Peru. **Research Report Current Anthropology**, v. 11, n. 1, p. 11-58, 1970

FAO. **International year of potato**. 2008. Disponível em: <<http://www.potato2008.or/en/world/index>>. Acesso em: 20 dez. 2008.

FEDALTO, A.A. **Avaliação da produtividade de tubérculos de plantas oriundas de sementes sexuadas de batata (*Solanum tuberosum* L.) e da primeira geração de propagação vegetativa**. 1982. 70 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1982.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed. Brasília:EMBRAPA, CENARGEN, 1998. 220 p.

FERRER, M.E.; CLAUSEN, A.M. Variabilidad genética en los recursos vegetales de importancia para la agricultura del Cono Sur. In: BERRETA, A.; RIVAS, M. EDS. **Estrategia em recursos fitogenéticos para los países del Cono Sur**. Montevideo: PROCISUR, 2001. p. 43-57. (Série Documentos).

FIEHN, O. Metabolomics the link between genotypes and phenotypes. **Plant Molecular Biology**, Amsterdam, v. 48, p. 155–171, 2002.

FNP CONSULTORIA & COMÉRCIO. Batata: alternativa nutricional em tempos de alimentos caros. In: _____. **AGRIANUAL 2009: anuário da agricultura brasileira**. São Paulo, 2009. p. 210-207.

FORD, R.; TAYLOR, P.W.J. The application of RAPD markers for potato cultivar identification. **Australian Journal Agriculture Research**, Melbourne, v. 48, p. 1213-1217, 1997.

FU, Y.B.; PETERSON, G.W.; RICHARDS, K.W.; TARN, T.R.; PERCY, J.E. Genetic diversity of Canadian and exotic potato germplasm revealed by simple sequence repeat markers. **American Journal of Potato Research**, Orono, v. 86, p. 38–48, 2009.

GHISLAIN, M.; ANDRADE, D.; RODRÍGUEZ, F.; HIJMANS, R.J.; SPOONER, D.M. Genetic analysis of the cultivated potato *Solanum tuberosum* L. Phureja Group using RAPDs and nuclear SSRs. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 113, p. 1515–1527, 2006.

GHISLAIN, M.; RODRIGUEZ, F.; VALLALÓ, F.; NUFIEZ, J.; WAUGH, R.; BORNEIBALE, M. Establishment of microsatellite assays for potato genetic identification. **CIP Program Report**. Lima, p. 167-174, 2000.

GHISLAIN, M.; SPOONER, D.M.; RODRIGUEZ, F.; VILLAMON, F.; NUNEZ, J.; VASQUEZ, C.; WAUGH, R.; BONIERBALE, M. Selection of highly informative and user-friendly microsatellites (SSRs) for genotyping of cultivated potato. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 108, p. 881-890, 2004.

GLENDINNING, D.R. Potato introductions and breeding up to the early 20th century. **New Phytologist**, Oxford, v. 94, p. 479-505, 1983.

GRUN, P. Evolution of the cultivated potato: a cytoplasmic analysis. In: HAWKES, J.G.; LESTER, R.N.; SKELDING, A.D. (Ed.). **The biology and taxonomy of the Solanaceae**. London: Academic Press, 1979. p. 655-665.

_____. The evolution of cultivated potatoes. **Economic Botany**, New York, v. 44, suppl. 3, p. 39-55, 1990.

HAWKES, J.G. Taxonomic studies on the tuber-bearing Solanums. 1: *Solanum tuberosum* and tetraploid species complex. **Proceedings of the Linnean Society of London**, London, v. 166, p. 97-144, 1956.

_____. Biosystematics of the potato. In: HARRIS, P.M. (Ed.). **The potato crop: the scientific basis for improvement**. London: Chapman & Hall, 1978.

_____. **The potato, evolution, biodiversity and genetic resources**. London: Belhaven Press, 1990.

_____. Origins, species and relationships. In: BRADSHAW, J. E.; MACKAY, G. R. (Ed.). **Potato genetics**. Cambridge: CAB International, 1994.

HIJMANS, R.J.; SPOONER, D.M. Geographic distribution of wild potato species. **American Journal of Botany**, Columbus, v. 88, n. 11, p. 2101-2112, 2001.

HOWARD, H.W. **Genetics of the potato *Solanum tuberosum* L.** London: Academic Press, 1970. 111 p.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Levantamento sistemático da produção agrícola**. Disponível em: http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/ispa/ispa_200902_1.shtm. Acesso em 28 fev. 2009.

ISPIZÚA, V.N.; GUMA, R.I.; FEINGOLD, S.; CLAUSEN, A.M. Genetic diversity of potato landraces from northwestern Argentina assessed with simple sequence repeats (SSRs) **Genetic Resource Crop Evolution**, Buenos Aires, v. 24, p. 1833-1848, 2007

KAWCHUK, L.M.; LYNCH, D.R.; THOMAS, J.; PENNER, B.; SILLITO, B.; KULCSAR, F. Characterization of *Solanum tuberosum* simple sequence repeats and application to potato cultivar identification. **American Potato Journal**, Orono, v. 73, p. 325-335, 1996.

LOON, J.P. van. Potato breeding in the Netherlands. In: _____. **The production of new potato varieties: technological advances**. Cambridge: Cambridge University Press, 1987. p. 45-54.

LOPES, A.C.; BUSO, A.M. (Org.). **A cultura da batata** Brasília: Embrapa Hortaliças; Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 1999. 187 p.

LOPES, M.A.; MELLO, S.C.M. de. **Estratégias para melhoria, manutenção e dinamização do uso dos bancos de germoplasma relevantes para a agricultura brasileira**. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Disponível em: <<http://www.cria.org.br/cgee/documentos/DinamizacaoAgronegocio.doc>>. Acesso em: 10 dez. 2008.

LOVE, S.L.; WERNER, B.K; PAVEK, J.J. Selection for individual traits in the early generations of a potato breeding program dedicated to producing cultivars with tubers having long shape and russet skin. **American Potato Journal**, Orono, v. 74, n. 3, p. 199-213, 1997.

LUSA. **Peru: Parque da Batata tem 5000 variedades do tubérculo** Disponível em: <http://www.universia.pt/servicos_net/informacao/noticia.jsp?noticia=45992>. Acesso em: 30 jan. 2009.

MARIS, B. Correlations within and between characters, between and within generations as a measure for early generation selection in potato breeding. **Euphytica**, Dordrecht, v. 37, p. 205-224, 1988.

MATHIAS, M.; SAGREDO, B.; KALAZICH, J. Uso de marcadores ssr para identificación de germoplasma de papa en el Programa de mejoramiento de INIA de CHILE. **Agricultura Técnica**, Chile, v. 67, n. 1, p. 3-15, 2007.

MCGREGOR C.E.; LAMBERT, C.A.; GREYLING, M.M.; LOUW, J.H.; WARNICH, L. A comparative assessment of DNA fingerprinting techniques (RAPDs, ISSR, AFLP and SSR) in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* L.) germplasm. **Euphytica**, Berlin, v. 113, p. 135-144, 2000.

MELO, P.E.; BUSO, J.A.; LOPES, C.A. Rede melhor batata: foi dado o primeiro passo! **Revista Batata Show**, Itapetininga, n. 16, p. 7-8, 2006.

MEIJER. **Cupido**. Disponível em: <<http://www.meijer-potato.com/htm/uk/rassen/cupido.htm>>. Acesso em: 25 jan. 2009.

MILBOURNE, D.; MEYER, R.C.; COLLINS, A.J.; RAMSAY, L.D.; GEBHARDT, C.; WAUGH, R. Isolation, characterization and mapping of simple sequence repeat loci in potato. **Molecular and General Genetics**, Berlin, v. 259, p. 233-245, 1998

MILBOURNE, D.; MEYER, R.; BRADSHAW, J.E.; BAIRD, E.; BONAR, N.; PROVAN, J.; POWELL, W.; WAUGH, R. Comparison of PCR-based marker system for the analysis of genetic relationships in cultivated potato. **Molecular Breeding**, Berlin, v. 3, p. 127-136, 1997.

MIRANDA FILHO, H.S. **Novo cultivar de batata IAC Aracy ruiva**. Campinas: IAC, 1991. 1 folder.

MIRANDA FILHO, H.S.; RAMOS, V.J.; GRANJA, N.P.; DIAS, J.A.C.S.; COELHO, S.M. B.; TEIXEIRA, P.R.M.; SIQUEIRA, W.J. Batata Itararé (IAC-5986). **O Agrônômico**, Campinas, v. 38, n. 2, p. 119-121, 1986.

MOISAN-THIERY, M.; MARHADOUR, S.; KERLAN, M.C.; DESSENNE, N.; PERRAMANT, M.; GOKELAERE, T.; LE HINGRAT, Y. Potato cultivar identification using simple sequence repeats markers (SSR). **Potato Research**, Wageningen, v. 48, p. 191-200, 2005.

MULLIS, K.B.FALOONA, F. Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase catalysed chain reaction. **Methods in Enzymology**, New York, v.55, p.335-350, 1987.

NIVAP – HOLLAND – NETHERLANDS - Potato Consultative Foundation.

Catálogo das variedades de batata dos países baixos, 2007. Disponível em: <http://www.nivaa.nl/pt/a_batata/cat%E1logo_holand%EAs_de_variedades_de_batata>. Acesso em: 30 mar. 2009.

NEI, M.; LI, W.H. Mathematical module for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. **Proceedings of the National Academy of Sciences USA**, Washington, v. 6, p. 5269-5273, 1979.

NORERO, N.; MALLEVILLE, J.; HUARTE, M.; FEINGOLD, S. Cost efficient potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivar identification by microsatellite amplification. **Potato Research**, Wageningen, v. 45, p. 131-138, 2002.

ORTIZ, R.; GOLMIRZAIE, A.M. Genotype by environment interactions and selection in true potato seed breeding. **Experimental Agriculture**, Cambridge, v. 40, n. 1, p. 99-107, 2004.

PÁDUA, J.G. **Cultivares de batata**. Disponível em: <www.prointegrada.ufv.br/batata/doc/palestras/cultivares_batata.pdf>. Acesso em: 23 mar. 2009.

PALMA, S. **Batata**. Disponível em: <<http://batata.do.sapo.pt/distribuicao.htm>>. Acesso em: 19 fev. 2009.

PÁRRAGA, M.S.; CARDOSO M.R.O. Botânica, taxonomia e espécies cultivadas de batata, **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 7, n. 76, p. 10-12, 1981.

PASTORINI, L.H.; BACARIN, M.A.; TREVIZOL, F.C.; BERVALD, C.M.P.; FERNANDES, H.S. Produção e teor de carboidratos não estruturais em tubérculos de batata obtidos em duas épocas de plantio. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 4, p. 660-665, 2003.

PEGORIN, F. **Tudo sobre... batata**. Nutrição. Disponível em: <<http://gourmet.ig.com.br/noticia/2008/12/16/tudo+sobre+batata+3103571.html>>. Acesso em: 02 mar. 2009.

PELOQUIN, S.J.; ORTIZ, R. Techniques for introgressing unadapted germplasm to breeding populations. In: STALKER, T.P.; MURPHY, J.P. (Ed.) **Plant breeding populations in 1990s**. Wallingford: CAB International, 1992. p. 485-507.

PEREIRA, A.S. da. Melhoramento genético. In: PEREIRA, A.S. da; DANIELS, J. (Ed.). **O cultivo da batata na região Sul do Brasil**. Brasília: EMBRAPA, 2003. p. 105-124.

PEREIRA NETO, L.G.; WETZEL, M.M.V.S. da; SILVA, D.B. da; CASTRO, C.M.; NASCIMENTO, W.M. **Conservação de sementes botânicas de batata (*Solanum tuberosum* L.)**, Brasília; EMBRAPA, CENARGEN, 2009. 4 p. Disponível em: <http://www.abhorticultura.com.br/biblioteca/arquivos/Download/Biblioteca/45_0419.pdf>. Acesso em: 10 fev. 2009.

PINTO, C.A.B.P. Melhoramento genético da batata. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 20, p. 120-128, 1999.

PLANT DE POMME DE TERRE – **Les principales variétés produites en France**. Disponível em: <<http://www.plantdepommedeterre.org/pages/mainvar.php>>. Acesso em: 30 mar. 2009.

RABINOWITZ, D.; LINDER, C.R.; ORTEGA, R.; BEGAZO D.; MURGUIA, H.; DOUCHES, D.S.; QUIROS, C.F. High Levels of interspecific hybridization between *Solanum sparsipilum* and *S. stenotomum* in experimental plots in the Andes. **American Potato Journal**, Orono, v. 67, p. 73-81, 1990.

RAFALSKI, D.J.A.; VOGEL, J.M.; MORGANTE, M.; POWELL, W.; ANDRE, S.; TINGEY, S.V. Generating and using DNA markers in plant. In: BIRREN, B.; LAI, E. **Nonmammalian genomic analysis: a practical guide**. New York: [s.n.], 1996. p. 75-134.

RAKER, C.; SPOONER, D.M. The chilena tetraploid cultivated potato, *Solanum tuberosum*, is distinct from the Andean populations: microsatellite data. **Crop Science**, Madison, v. 42, p. 1451-1458, 2002.

ROCHA, B.H.G.; AUGUSTIN, E.; PEREIRA, A.S. da; LUCAS FORTES, G.R. de.; PETERS, J.A. Caracterização molecular de cultivares de batata através de marcadores moleculares. **Revista Científica Rural**, Bagé, v. 7, n. 1, p. 42-51, 2002.

- ROCHA, E.A. **Caracterização molecular de cultivares de batata (*Solanum tuberosum* L.) utilizando marcadores RAPD e SSR.** 2008. 87 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.
- ROHLF, F.J. **NTSYS-PC: numerical taxonomy and multivariate analysis system version 2.02 k (software)** Stony Brook: State University of New York, 1992.
- ROSS, H. Potato breeding: problems and perspectives. **Advances in Plant Breeding**, Hamburg, suppl. 13, 196 p. 1986.
- ROWE, R.C. (Ed.) **Potato health management.** Saint Paul: APS Press, 1993. 178 p. (Plant Health Management Series).
- SHARMA, Y.K.; SHARMA, S.K; KATOCH, P.C. Using phenotypic stability as a criterion for early generation selection in potato (*Solanum tuberosum* L.). **Tropical Agriculture**, Trinidad, v. 78, n. 2, p. 108-117, 2001.
- SILVA, G.O. da; PEREIRA, A.S. da ; SOUZA, V.Q. de; CARVALHO, F.I.F. de; FRITSCHÉ NETO, R. Parâmetros genéticos em primeiras gerações de seleção de batata (*Solanum tuberosum* L.). **Magistra**, Cruz das Almas, v. 19, n. 2, p. 98-103, 2007.
- SIMMONDS, N.W. Family selection in plant breeding. **Euphytica**, Berlin, v. 90, n. 2, p. 201-208, 1996.
- SIQUEIRA, M.V.B.M.; QUEIROZ-SILVA, J.R.; BRESSAN, E.A.; BORGES, A.; PEREIRA, K.J.C.; PINTO, J.G.; ANN VEASEY, E. Genetic characterization of cassava (*Manihot esculenta*) landraces in Brazil assessed with simple sequence repeats. **Genetics and Molecular Biology**, Berlin, v. 32, p. 104-110, 2009.
- SOUZA, Z.S da. Ecofisiologia. In: PEREIRA, A.S. da. DANIELS, J. (Ed.). **O cultivo da batata na região Sul do Brasil.** Brasília: EMBRAPA, 2003. p. 81-104.
- SPOONER, D.M.; MCLEAN, K.; RAMSAY, G.; WAUGH, R.; BRYAN, J.G. A single domestication for potato based on multilocus amplified fragment length polymorphism genotyping. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, v. 102, n. 41, p. 14694–14699, Oct. 2005. Disponível em: <<http://www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0507400102>>. Acesso em 10 fev. 2009.
- SUKHOTU, T.; HOSAKA, K. Origin and evolution of *Andigena* potatoes revealed by chloroplast and nuclear DNA markers, **Genome**, Berlin, v. 49, p. 636-647, 2006.
- TAI, G.C.C.; YOUNG, D.A. Early generation selection for important agronomic characteristics in a potato breeding population. **American Potato Journal**, Orono, v. 61, p. 419-434, 1984.
- TANKSLEY, S.D.; MCCOUCH, S.R. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. **Science**, Washington, v. 277, p. 5329-5335, 1997.

UMAERUS, M. Quality characteristics of potato for the future: physiological aspects. In: TRIENNIAL CONFERENCE OF THE EUROPEAN ASSOCIATION FOR POTATO RESEARCH, 8., 1981, Munchen. Proceedings... Wageningen, 1981. p. 81-93.

VALLS, J.F.M. Caracterização morfológica, reprodutiva e bioquímica de germoplasma vegetal. In: ENCONTRO SOBRE RECURSOS GENÉTICOS, 1998, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: UNESP, 1998. p. 106-128.

VALOIS, A.C.C.; PAIVA, J.R. de.; FERREIRA, F.R.; SOARES FILHO, W.S. dos.; DANTAS, J.L.L. Melhoramento de espécies de propagação vegetativa. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. de; VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento - plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 284-291.

WEISING, K.; NYBOM, H.; WOLFF, K.; MEYER, W. **DNA fingerprinting in plants and fungi**. Boca Raton: CRC Press, 1995.

WET, J.M.J.; HARLAN, J.R. Weeds and domesticates: Evolution in the manmade habitat. **Economic Botany**, New York, v. 29, p. 99-107, 1975.

ANEXOS

ANEXO A

Descrição das cultivares estudadas

Fonte:

MIRANDA FILHO (1991); MIRANDA FILHO et al. (1986); PLANT DE POMME DE TERRE (2009); MEIJER (2009); NIVAP – HOLLAND – NETHERLANDS (2009); PÁDUA (2009).

ÁGATA - GEERSTESEMA ZADEN B. V., Países Baixos.

Cruzamento - 'BM 52.72' x 'Sirco'.

Maturação - precoce a semi-precoce.

Tubérculos – ovais; pele amarela e predominantemente lisa, polpa de cor amarelo-clara e olhos superficiais.

Produtividade - alto rendimento.

Matéria seca - teor baixo.

Folhagem - boa.

Doenças - bastante suscetível a requeima (*Phytophthora infestans*), moderadamente resistente ao vírus do enrolamento (PLRV), muito boa resistência ao vírus Yⁿ, imune ao cancro e resistente ao patótipo A (Ro1) do nematóide do cisto; bastante suscetível à sarna comum.

Utilização - consistente e de cor firme quando cozida; esporádico descoramento, própria para consumo fresco.

APTA 15-20 - clone obtido pelo Pólo APTA Sudoeste Paulista.

Cruzamento: 'Aracy Ruiva' x 'clone IAC 6090'.

Tubérculos: redondo cheio, pele amarelo-clara lisa e polpa branca; olhos rasos.

Matéria-seca: teor alto.

APTA 21-54 - clone obtido pelo Pólo APTA Sudoeste Paulista.

Cruzamento: entre os clones: '86' e 'IAC 6090'.

Tubérculos: redondo cheio, pele amarela lisa e polpa creme; olhos pouco profundos.

Matéria-seca: teor médio.

APTA 16-5 - clone obtido pelo Pólo APTA Sudoeste Paulista.

Cruzamento: 'Barna' x 'Aracy Ruiva'.

Tubérculos: oval achatado, pele vermelha meio áspera e polpa branca; olhos rasos.

Matéria-seca: teor médio.

APUÃ - Instituto Agronômico de Campinas – IAC, Brasil.

Cruzamento - 'IAC-5566' x 'Leo'.

Maturação – tardia.

Tubérculos - oblongo, película amarelo-clara, polpa amarela; olhos pouco profundos a rasos.

Produtividade - alta.

Matéria seca – teor baixo a médio.

Folhagem – muito vigorosas.

Doenças - uma das cultivares mais resistentes ao vírus do enrolamento (PLRV), resistente à requeima (*Phytophthora infestans*), muito resistente à pinta-preta (*Alternaria solani*) e a podridões dos tubérculos; é susceptível à murcha bacteriana.

Utilização – uso doméstico, relativamente boa em saladas.

ARACY - Instituto Agronômico de Campinas – IAC, Brasil.

Cruzamento - 'Katahdin' x 'Profit'.

Maturação – tardia.

Tubérculos - redondo-achatado, película amarela e polpa creme, com “olhos” meio profundos.

Produtividade - boa.

Matéria seca – alto teor

Folhagem – boa.

Doenças - resistente a requeima (*Phytophthora infestans*) e muito resistente à pinta-preta (*Alternaria solani*), boa resistência ao vírus do enrolamento (PLRV) e é muito suscetível à murcha bacteriana e à mosca-minadora.

Utilização – possuem excelentes qualidades para uso culinário e industrial.

ARACY RUIVA – Instituto Agronômico de Campinas – IAC, Brasil.

Cruzamento - descendente da 'Aracy', como resultado da mutação da 'Aracy'.

Maturação – média a tardia.

Tubérculos - passaram a ter formato alongado.

Produtividade – boa.

Matéria-seca - teor médio a elevado.

Folhagem – muito vigorosa.

Doenças - resistente à requeima (*Phytophthora infestans*), à pinta preta (*Alternaria solani*), ao vírus do enrolamento (PLRV); é susceptível à murchadeira (*Ralstonia solanacearum*).

Utilização - forma de palito para o processamento industrial ou uso doméstico.

ASTERIX – HZPC, Países Baixos

Cruzamento - 'Cardinal' x 'SVP Ve 709'.

Maturação - semitardia.

Tubérculos - grandes, ovais, de forma uniforme, pele vermelha e polpa amarela, olhos superficiais.

Produtividade - muito alta a alta.

Matéria-seca - teor muito alto a alto.

Folhagem - boa.

Doenças - bastante suscetível a requeima (*Phytophthora infestans*), suscetível ao vírus do enrolamento (PLRV) e vírus A, muito boa resistência ao vírus X (PVX) e moderadamente resistente ao vírus Yⁿ; imune ao cancro; resistente ao patótipo A (=Ro1) do nematóide do cisto; moderadamente resistente à sarna comum.

Utilização - bastante consistente quando cozida; esporádico descoramento, própria para batatas fritas.

ATLANTIC – Maine Department Agriculture, Estados Unidos (1978)

Cruzamento - 'B 5141-6 (Lenape)' e 'Wauseon'.

Maturação - semitardia

Tubérculos – graúdos, arredondados, película branca, meio áspera, polpa branca, olhos e inserção de estolhos semiprofundos.

Produtividade - alta.

Matéria-seca - teor muito alto.

Folhagem - muito boa.

Doenças: muito susceptível a requeima (*Phytophthora infestans*), suscetível à pinta preta (*Alternaria solani*), ao mosaico (PVY), resistente ao PVX e média resistência ao vírus do enrolamento (PLRV); pouco susceptível à sarna comum.

Utilização - bastante indicada para o preparo de *chips* e batata-palha, de produção industrial.

BRS – ANA - Programa de Melhoramento Genético da Batata, EMBRAPA, Brasil.

Cruzamento - clone experimental 'C-1750-15-95' x 'Asterix'.

Maturação - tardia

Tubérculos – alongados, pele rosada, película levemente áspera e olhos rasos.

Produtividade - alta.

Matéria-seca - teor alto.

Folhagem - muito boa.

Doenças - tolerância intermediária a requeima (*Phytophthora infestans*), e pinta preta (*Alternaria solani*).

Utilização - adequada para o processamento industrial, na forma de palitos pré-fritos congelados. Podendo ser usada cozida, para a elaboração de saladas e purês. É adequada à utilização em sistema de produção orgânica.

BRS - ELISA - Programa de Melhoramento Genético da Batata – EMBRAPA, Brasil.

Cruzamento - 'Edzina' x 'Recent'.

Maturação - tardia

Tubérculos - alongados, pele amarela, lisa e brilhante, polpa amarela e olhos rasos.

Produtividade - média.

Matéria seca - teor baixo.

Folhagem – vigorosa

Doenças - tolerância intermediária à requeima (*Phytophthora infestans*) e à pinta preta (*Alternaria solani*), é susceptível a canela preta e tem boa tolerância a degenerescência a viroses.

Utilização - adequada para consumo doméstico, como salada e cozida.

CAESAR - Empresa HZPC, Holanda B V

Cruzamento - 'Monalisa' x 'Rop B 1178'.

Maturação - semi-tardia.

Tubérculos – ovais, graúdos, pele amarela e moderadamente lisa, polpa bastante amarela, olhos muito superficiais.

Produtividade - alta e uniforme.

Matéria-seca - teor moderado.

Folhagem - muito boa.

Doenças - moderadamente resistente à requeima (*Phytophthora infestans*); bastante resistente ao vírus do enrolamento (PLRV), suscetível ao vírus X (PVX) e muito boa resistência ao vírus PVYⁿ; imune ao cancro; resistente ao patótipo A (RO 1-4) do nematóide do cisto; bastante suscetível à sarna comum.

Utilização - bastante consistente quando cozida; própria para consumo fresco.

CANELLE - Empresa Bretagne Plants, França.

Cruzamento – não informado pela obtentora.

Maturação – semi-tardia.

Tubérculos - médios, oval-alongado, pele e polpa amarela clara e olhos rasos.

Produtividade - alta.

Matéria seca - teor médio a alto.

Folhagem - muito boa.

Doenças - suscetibilidade a requeima (*Phytophthora infestans*), sensível ao vírus PVX, PVY, A e pouco sensível ao vírus do enrolamento (PLRV).

Utilização - indicada para cozinhar, escurecimento após cozimento; apresenta cor inválida para frituras, pois é bastante clara.

CATUCHA – Programa de Melhoramento de Batata EPAGRI e EMBRAPA, Brasil

Cruzamento - ‘2CRI 1149-178’ x ‘C-999-263-70’.

Maturação – semi-tardia.

Tubérculos – oval alongados, película amarela, um pouco áspera, polpa amarela clara e olhos rasos.

Produtividade - alta.

Matéria-seca - teor alto.

Folhagem - muito vigorosa.

Doenças - alta resistência a requeima (*Phytophthora infestans*), à pinta preta (*Alternaria solani*), resistência ao vírus Y (PVY) e suscetibilidade ao vírus do enrolamento (PLRV).

Utilização - destinada ao consumo de mesa, aptidão ao cozimento para elaboração de purê e outros pratos afins. Grande potencial para o uso no cultivo orgânico.

CHIPIE - STATION DE RECHERCHE DU COMITE NORD, França.

Cruzamento - ‘Pilgrin’ x ‘(Saturna x Pentland Dell)’.

Maturação – semi-precoce a média.

Tubérculos - arredondados, médios, pele e polpa amarelo-clara e olhos semi-profundos.

Produtividade - alta.

Matéria-seca – teor alto.

Folhagem – muito boa.

Doenças - boa tolerância ao vírus do enrolamento (PLRV) e ao PVY, resistentes ao vírus PVX e A e tolerantes a requeima (*Phytophthora infestans*).

Utilização - forma melhorada para o uso industrial na forma de chips e palha.

COLORADO - Station de Recherche du Comité Nord et G.I.P.T., França.

Cruzamento - ‘Toridon’ x ‘(Desiree x Pentland Dell)’.

Maturação - média a tardia.

Tubérculos - oval alongado, médios a grandes, pele vermelho-fosca e polpa amarelo-clara e olhos rasos.

Produtividade – alta.

Matéria-seca - teor alto.

Folhagem – muito boa.

Doenças - sensível ao vírus do enrolamento (PLRV), PVX e A, possuem resistência média ao mosaico (PVY) e PVY^{ntn}, resistente a requeima (*Phytophthora infestans*), sensível ao patótipo A (RO 1-4) do nematóide do cisto.

Utilização - usada na indústria, na forma de pré-fritura e congelamento.

CUPÍDO - MEIJER SEEDPOTATOES & RESEARCH B.V., Países Baixos.

Cruzamento - 'W – 72-22-496' x 'Estima'.

Maturação - média a tardia.

Tubérculos - oval alongado, graúdos e uniformes, pele amarela, polpa amarelo claro.

Produtividade – alta.

Matéria-seca - teor médio.

Folhagem – muito boa.

Doenças - suscetíveis a requeima (*Phytophthora infestans*) e pinta preta (*Alternaria solani*), altas resistência ao vírus do enrolamento (PLRV) e ao mosaico (PVY), à verruga (*Synchytrium endobioticum*) e ao nematóide do cisto patótipo A.

Utilização - para mesa, de excelente sabor, textura firme e sem coloração quando cozida. Não é utilizada para fritura, devido ao alto teor de açúcares redutores.

ÉDEN - BRETAGNE PLANTS, França,

Cruzamento - 'Eole' x 'Pentland Dell'.

Maturação - média.

Tubérculos – alongados, grandes, pele e polpa amareladas e olhos profundos.

Produtividade – alta.

Matéria-seca - teor médio.

Folhagem – muito boa.

Doenças - resistentes ao vírus PVX e A, ao nematóide (RO 1-4) da *Globodera Rostochiensis* (nematóide dourado), sensível a requeima (*Phytophthora infestans*) e ao vírus do enrolamento (PLRV).

Utilização - utilizada para a mesa, podendo ser cozida ou frita.

EMERALDE - BRETAGNE PLANTS, França.

Cruzamento - 'Estima' x 'INRA 75.36.45'.

Maturação - precoce a semi-precoce.

Tubérculos - numerosos e muito grandes, ovais alongados, regulares, pele e polpa amarelada, olhos muito superficiais.

Produtividade – alta.

Matéria-seca - teor muito baixo.

Folhagem – muito boa.

Doenças - resistência média ao vírus Y, ao vírus do enrolamento (PLRV) e a doenças fúngicas, como a requeima (*Phytophthora infestans*).

Utilização - utilizada para cozimento e fritura, no uso doméstico.

EOLE - BRETAGNE PLANTS, França.

Cruzamento – Ukama x INRA 74.38.122

Maturação – média

Tubérculos - oval-alongados; pele amarela clara, polpa creme; olhos superficiais.

Produtividade – muito boa.

Matéria seca – baixo.

Folhagem – boa a muito boa.

Doenças – suscetibilidade ao vírus X (PVX), Vírus A (PVA) Vírus Y (PVY) e muito sensível ao vírus do enrolamento (PLRV; moderadamente suscetível ao vírus do enrolamento (PLRV), suscetível ao vírus Y (PVY), moderadamente suscetível a requeima (*Phytophthora infestans*); suscetível a sarna comum (*Streptomyces scabies*).

Utilização - indicada para o uso doméstico por meio do cozimento.

FIANNA - Empresa AGRICO, Holanda.

Cruzamento - '4062-660' x 'AM 66-42'.

Maturação - semi-tardia.

Tubérculos - grandes, ovais e uniformes, pele amarela clara e lisa a moderadamente lisa; polpa branca e olhos superficiais.

Produtividade – alta.

Matéria-seca – teor bom.

Folhagem – muito boa.

Doenças - bastante suscetível à requeima (*Phytophthora infestans*), bastante suscetível ao vírus do enrolamento (PLRV), boa resistência ao vírus A, moderadamente resistente ao vírus Yⁿ; imune ao cancro; resistente ao patótipo A (RO 1) do nematóide do cisto; moderadamente resistente à sarna comum.

Utilização - bastante consistente quando cozida a farinha; própria para batatas fritas.

FLORICE – STATION DE RESEARCH DU COMITÉ NORD, França.

Cruzamento - 'Fanete' x 'INRA 72.68.5'.

Maturação – precoce a semi-precoce.

Tubérculos - ovais, pele amarela, polpa amarela-clara; olhos rasos a moderadamente profundos.

Produtividade – alta.

Matéria-seca – teor baixo a muito baixo.

Folhagem – muito boa.

Doenças - resistência média ao vírus Y (PVY), sensível ao vírus X (PVX), ao vírus A, ao enrolamento (PLRV) e a requeima (*Phytophthora infestans*); resistente ao nematóide (Ro 1-4).

Utilização - indicadas para o uso doméstico, muito boa para cozinhar.

FONTANE - Empresa AGRICO, Países Baixos.

Cruzamento - 'Agria' x 'AR 76-34-3'.

Maturação - semi-precoce a semi-tardia.

Tubérculos – grandes, oval; pele amarela e moderadamente áspera; polpa amarelo claro; olhos bastante superficiais.

Produtividade – muito alto a alta.

Folhagem - bastante boa.

Matéria-seca - teor alto a bom.

Doenças - moderadamente resistente ao vírus do enrolamento (PLRV), boa resistência ao vírus X e Yⁿ, bastante suscetível à requeima (*Phytophthora infestans*); resistente ao patótipo A (RO 1) do nematóide do cisto, bastante suscetível à sarna comum.

Utilização - bastante consistente quando cozida a farinhenta, indicada para *french fries*.

GOURMANDINE - Empresa AGRICO, Holanda.

Cruzamento - 'Charlotte' x 'Estima'.

Maturação - semi-precoce.

Tubérculos - ovais alongados e grandes; pele amarela e lisa; polpa bastante amarela clara a amarela clara; olhos superficiais.

Produtividade – alta.

Folhagem - bom desenvolvimento.

Matéria-seca - teor médio.

Doenças - moderadamente resistente ao vírus do enrolamento (PLRV), suscetível ao vírus X, moderadamente resistente ao vírus Yⁿ, bastante suscetível à requeima (*Phytophthora infestans*).

Utilização - bastante consistente quando cozida e é indicada para consumo fresco, saladas.

GRELINE - GROCEP – França.

Cruzamento – não informado pela obtentora.

Maturação - precoce.

Tubérculos – oblongos, pele amarelo-média, polpa amarela, olhos rasos.

Produtividade – boa.

Folhagem - bom desenvolvimento.

Matéria-seca - teor médio.

Doenças – suscetíveis a requeima (*Phytophthora infestans*), resistente ao vírus X (PVX), suscetível ao vírus A e Y (PVY), moderadamente suscetível ao vírus do enrolamento (PLRV); suscetível ao nematóide (Ro 1-4).

Utilização - muito boa para cozinhar, após cozer escurecimento; inválida para frituras, cor bastante clara.

HPC-7B

Cruzamento: *Solanum phureja* X *Solanum chacoense*

Maturação - tardia.

Tubérculos - numerosos, pele amarela, popa creme, olhos profundos.

Produtividade - alta

Matéria seca - média

Folhagem - vigorosa

Doenças - alta resistência a requeima (*Phytophthora infestans*), pinta preta (*Alternaria solani*), ao mosaico (PVY) e ao enrolamento (PLRV).

Utilização - material diplóide usado como parental em cruzamentos, não sendo utilizado como batata para consumo.

ITARARÉ - Instituto Agrônomo de Campinas – IAC, Brasil.

Cruzamento - ('Arensa' x 'Turma') x 'Leo'

Maturação - meio tardia a tardia.

Tubérculos – oblongo, alongado, película amarelo-escura, opaca, polpa amarela; olhos abertos, salientes.

Produtividade - alta.

Matéria seca - teor médio.

Folhagem - vigorosa, crescimento rápido.

Doenças - bastante resistente a requeima (*Phytophthora infestans*), boa resistência ao vírus do enrolamento (PLRV), susceptível ao mosaico (PVY), resistência mediana a pinta preta (*Alternaria solani*).

Utilização - variedade recomendada para utilização em cultivo orgânico.

LADY ROSETTA – Empresa C. MEIJER B.V. Holanda.

Cruzamento - 'Cardinal' x 'SVP (VTN) 62.33.3'.

Maturação – semi-precocce.

Tubérculos – grandes e redondos; pele vermelha e áspera; polpa amarela claro; olhos semi-profundos.

Produtividade - alta.

Matéria seca – teor muito alto.

Folhagem - boa a bastante boa.

Doenças – suscetível a requeima (*Phytophthora infestans*), moderadamente resistente ao vírus do enrolamento (PLRV) e a sarna comum, bastante resistente ao vírus Yⁿ, resistente ao nematóide do cisto (Ro1).

Utilização - esporádico descoramento quando cozida; própria para batatas fritas de pacote.

MELODY - Empresa C. MEIJER B.V. Holanda.

Cruzamento - 'VE 74-45' x 'W 72-22-496'.

Maturação - semi-precoce a semi-tardia.

Tubérculos - ovais, pele amarela e lisa; polpa amarela; olhos superficiais.

Produtividade - alta.

Matéria-seca – teor moderado a baixo.

Folhagem - bom desenvolvimento.

Doenças - boa resistência vírus do enrolamento (PLRV), ao vírus A e X. Bastante resistente ao vírus Yⁿ, bastante suscetível à requeima (*Phytophthora infestans*); resistente ao patótipo A (Ro1) do nematóide do cisto.

Utilização - quando cozida apresenta consistência bastante firme a farinhenta; própria para o consumo fresco.

MONALISA - Empresa HZPC, Países Baixos.

Cruzamento - 'Bierma A 1287' x 'Colmo'.

Maturação – semi-precoce.

Tubérculos – grandes e ovais, uniformes, pele amarela e muito lisa, polpa bastante amarela; olhos superficiais.

Produtividade - alta.

Matéria seca - teor baixo.

Folhagem – boa a bastante boa.

Doenças – suscetível a requeima (*Phytophthora infestans*); bastante resistente ao vírus do enrolamento (PLRV) e ao vírus X; resistente ao vírus A; boa resistência ao vírus Yⁿ; imune ao cancro; moderadamente resistente à sarna comum.

Utilização – indicada para a mesa, apresentando alta qualidade para o cozimento; própria para consumo fresco.

MONDIAL - D. BIEMONDE, Países Baixos.

Cruzamento - ‘Spunta’ x ‘SVP Ve 66295’.

Maturação – semitardia a tardia.

Tubérculos – grandes, oval-alongados, uniformes, pele amarela lisa a moderadamente lisa; polpa amarelo claro; olhos superficiais.

Produtividade – muito alta.

Matéria seca – teor moderado a baixo.

Folhagem – bastante boa.

Doenças - suscetível à requeima (*Phytophthora infestans*); bastante suscetível ao vírus do enrolamento (PLRV), pouco suscetível, resistente ao vírus A e ao vírus X e bastante resistente ao vírus Yⁿ; imune ao cancro; resistente ao patotipo A (=RO1) do nematóide do cisto, moderadamente resistente à sarna comum.

Utilização - indicada para mesa apresentando boa qualidade para o cozimento; própria para o consumo fresco.

NATURELLA - BRETAGNE PLANTS, França.

Cruzamento - ‘Sirco’ x ‘Pentland Squire’.

Maturação - média a tardia.

Tubérculos - oval-alongados; pele amarela, polpa amarelo-clara; olhos superficiais.

Produtividade – muito boa.

Matéria seca – teor médio.

Folhagem – boa a muito boa.

Doenças - suscetibilidade ao vírus X (PVX), Y (PVY) e ao vírus A; baixa suscetibilidade a requeima (*Phytophthora infestans*); e é muita baixa suscetibilidade ao vírus do enrolamento (PLRV); suscetível ao nematóide (Ro 1-4).

Utilização - indicada para o uso doméstico por meio da fritura e do cozimento.

NOVELLA – AGRICO U.A. HOLANDA

Cruzamento – ‘Lutetia’ x ‘CB76-9810’

Maturação – precoce

Tubérculos - oval-alongados; pele amarela clara, polpa creme; olhos superficiais.

Produtividade – muito boa.

Matéria seca – baixo.

Folhagem – boa a muito boa.

Doenças – moderadamente suscetível ao vírus do enrolamento (PLRV), e ao vírus Y (PVY), moderadamente suscetível a requeima (*Phytophthora infestans*).

Utilização - indicada para o uso doméstico por meio do cozimento.

OPALINE - Bretagne Plants e União dos Produtores de Plantas de Pontivy, França.

Cruzamento – não informado pela obtentora.

Tubérculos – oval-alongados, médios, pele amarela e moderadamente lisa, polpa amarelo-claro; olhos superficiais.

Produtividade – muito boa.

Matéria seca – teor médio.

Folhagem - abundante.

Doenças - moderadamente suscetível à requeima (*Phytophthora infestans*) e à sarna comum; suscetível ao vírus X (PVX), ao vírus A e ao vírus Y (PVY); suscetível ao patótipo A (RO 1) do nematóide do cisto.

Utilização - boa para cozinhar, escurecimento após cozimento; coloração média para fritar (média a bastante clara).

PANDA - (Origem: Alemanha)

Cruzamento – ‘UP0351/7’ x ‘W6858/8’

Maturação- tardia

Tubérculos- arredondados, ligeiramente achatados, polpa amarela, pele amarela lisa.

Produtividade- alta

Matéria seca- alta

Folhagem- vigorosa com muitas hastes.

Doenças –bastante resistente a requeima (*Phytophthora infestans*); susceptível a pinta preta (*Alternaria solani*); medianamente resistente aos vírus do mosaico (PVY) e ao vírus do enrolamento (PLRV).

Utilização – indicada para batata fritas (*chips*) no processo industrial.

PIRASSU (Mutante de ‘Lady Rosetta’)

Cruzamento – ‘Cardinal’ x ‘VTN62-33-3’

Maturação - média

Tubérculos - redondos, de tamanho médio e uniforme, pele vermelha, ligeiramente áspera, polpa amarela.

Produtividade – alta.

Matéria seca - muito alta.

Folhagem - pouco vigorosa, com facilidade de produzir hastes.

Doenças - susceptível a requeima (*Phytophthora infestans*), susceptível à alternaria (*Alternaria solani*), boa resistência ao mosaico (PVY), moderadamente resistente ao vírus do enrolamento (PLRV).

Utilização - utilizada na produção de batatas fritas (*chips*).

SANTÈ - Empresa HZPC, Países Baixos.

Cruzamento - ‘WY 66-13-636’ x ‘SVP AM 66-42’.

Maturação - semi-precoce a semi-tardia.

Tubérculos – grandes, ovais a redondo-ovalados e uniformes; pele amarela e lisa; polpa amarelo-claro; olhos bastante superficiais.

Produtividade – alta.

Matéria seca – teor bom a moderado.

Folhagem - bastante boa.

Doenças - bastante suscetível à requeima (*Phytophthora infestans*); bastante resistente ao vírus do enrolamento (PLRV), muito boa resistência ao vírus Yⁿ; imune ao cancro;

resistente aos patótipos A B C D (Ro1; Ro2/3 e Pa2) do nematóide do cisto; bastante suscetível à sarna comum.

Utilização - quando cozida bastante consistente a farinhenta; pouco descoramento; própria para consumo fresco.

SOLÉIA - BRETAGNE PLANTS, França.

Cruzamento – não informado pela obtentora.

Maturação – semi precoce a média

Tubérculos - oblongos-alongados; pele amarela clara, polpa amarela; olhos superficiais.

Produtividade – muito boa.

Matéria seca – médio.

Folhagem – boa a muito boa.

Doenças – resistente ao vírus X (PVX), Vírus A (PVA), muito sensível ao Vírus Y (PVY) e sensível ao vírus do enrolamento (PLRV); muito pouco sensível a requeima (*Phytophthora infestans*); resistente ao nematóide (RO 1-4).

Utilização - indicada para o uso doméstico por meio de fritura palito e do cozimento.

SPUNTA - Empresa C. MEIJER B.V. Países Baixos.

Cruzamento - 'Béa' x USDA x '96-56'.

Maturação – semi-precoce.

Tubérculos – grandes e alongados; pele amarela e lisa; polpa amarelo claro; olhos muito superficiais.

Produtividade – alta.

Matéria seca – teor bom a moderado.

Folhagem – boa.

Doenças - suscetível a requeima (*Phytophthora infestans*); bastante resistente ao vírus do enrolamento (PLRV) e ao vírus Yⁿ, resistente ao vírus A, moderadamente resistente ao vírus X; imune ao cancro; moderadamente resistente à sarna comum.

Utilização - bastante consistente quando cozida; esporádico descoramento quando cozida; própria para consumo fresco.

TONDRA: Origem: Alemanha

Cruzamento: ('Aquila' x '9089') x Seedling ('dms, adg, tbr')

Maturação: média a tardia.

Tubérculos: redondo ovalado, pele e polpa amarela clara; olhos meio profundos.

Produtividade: boa.

Matéria-seca: teor médio.

Folhagem: boa.

Doenças: moderadamente resistente a requeima (*Phytophthora infestans*), moderadamente a alta resistência ao vírus PVY (vírus Y) e resistência média ao vírus do enrolamento (PLRV), ao PVX e ao PVA; resistência média a sarna comum (*S. scabies*) e a podridão mole (*E. corotovora*); baixa resistência ao nematóide (RO 1-4) e baixa resistência as geadas.

Utilização: cozimento.

VIVALDI – Empresa HZPC, Países Baixos.

Cruzamento - 'TS 77-148' x 'Monalisa'.

Maturação - precoce a semi-precoce.

Tubérculos – grandes, oval-alongados, pele amarela e lisa; polpa bastante amarela; olhos muito superficiais.

Produtividade – alta.

Matéria seca – teor moderado a baixo.

Folhagem – bom desenvolvimento.

Doenças - boa resistência ao vírus do enrolamento (PLRV), bastante resistente ao vírus A e ao vírus Yⁿ, moderadamente resistente ao vírus X, suscetível à requeima (*Phytophthora infestans*); imune ao cancro; bastante suscetível à sarna comum.

Utilização - quando cozida, apresenta consistência bastante firme, é adequada para o consumo fresco.

VOYAGER - Empresa HZPC, Países Baixos.

Cruzamento - 'RZ-85-238' e 'Obelix'.

Maturação – semi-precoce a semi-tardia.

Tubérculos - grandes, alongada; pele amarela e lisa; polpa amarela; olhos muito superficiais.

Produtividade – moderada.

Matéria seca – teor bom.

Folhagem - bom desenvolvimento.

Doenças - bastante resistente ao vírus do enrolamento (PLRV); boa resistência ao vírus X; bastante resistente ao vírus Yⁿ, à Phytophthora das folhas e à Phytophthora dos tubérculos. Bastante resistente ao vírus do enrolamento, resistente ao vírus X, bastante resistente ao vírus Yⁿ e a requeima (*Phytophthora infestans*).

Utilização - quando cozida, apresenta consistência firme, é indicada para consumo fresco.

ANEXO B – Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, entre 15 cultivares comerciais de batata.
Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009.

	Atlan	Cupi	Aste	Sant	Mund	AtCh	Fian	Pira	Itar	Spun	HPC	L.Ros	Pand	Ágat	Mona
Atlan	1.0000														
Cupi	0.5714	1.0000													
Aste	0.5333	0.6522	1.0000												
Sant	0.5161	0.6957	0.6400	1.0000											
Mund	0.6207	0.6250	0.5185	0.6154	1.0000										
AtCh	0.9259	0.5714	0.5333	0.5161	0.6207	1.0000									
Fian	0.5172	0.5000	0.6522	0.5600	0.4444	0.5172	1.0000								
Pira	0.6296	0.5652	0.5200	0.5600	0.6250	0.5714	0.5652	1.0000							
Itar	0.6552	0.4815	0.5000	0.4828	0.5926	0.6000	0.6000	0.6667	1.0000						
Spun	0.5517	0.5417	0.5600	0.4815	0.5385	0.5000	0.5417	0.5417	0.5185	1.0000					
HPC-	0.4839	0.3571	0.3793	0.3667	0.4138	0.4375	0.3571	0.4615	0.3548	0.3929	1.0000				
L.Ros	0.4483	0.5455	0.4400	0.6087	0.4231	0.4483	0.4167	0.6190	0.4074	0.4583	0.4400	1.0000			
Pand	0.6207	0.5000	0.5185	0.6154	0.6800	0.5667	0.5600	0.6957	0.7200	0.6000	0.4138	0.4800	1.0000		
Ágat	0.6207	0.5600	0.5185	0.5556	0.7500	0.6786	0.5000	0.6250	0.5926	0.4815	0.4643	0.4231	0.6800	1.0000	
Mona	0.4667	0.4400	0.4615	0.4444	0.5000	0.5172	0.5000	0.5652	0.5385	0.4800	0.3571	0.4167	0.5600	0.6250	1.0000

Atlan: Atlantic, Cupi: Cupido, Aste: Asterix, Sant:: Santè, Mund: Mundial, AtCh: Atlantic (Chile), Fian: Fianna, Pira: Pirassu, Itar: Itatraré, Spun: Spunta, HPC: HPC-7B, L.Ros: Lady Rosetta, Pand: Panda, Ágat: Ágata, Mona: Monalisa

ANEXO C – Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, entre 25 acessos da coleção de clones da EMBRAPA (CNP¹)
 Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009. (continua)

	386-7	2192-24	388-37	105-2	1125-1	280-10	2242-18	383-19	2254-8	804-2	328-7	2252-7
386-7	1.0000											
2192-24	0.7600	1.0000										
388-37	0.9200	0.7600	1.0000									
105-2	0.7800	0.7800	0.7400	1.0000								
1125-1	0.7600	0.7200	0.7600	0.8600	1.0000							
280-10	0.7600	0.7600	0.7600	0.8200	0.8400	1.0000						
2242-18	0.7600	0.7200	0.7200	0.7400	0.7200	0.8000	1.0000					
383-19	0.7400	0.6200	0.7000	0.6800	0.7000	0.7000	0.6600	1.0000				
2254-8	0.7600	0.6400	0.8000	0.7800	0.7600	0.8000	0.7600	0.6600	1.0000			
804-2	0.7200	0.6800	0.7600	0.7800	0.8000	0.7200	0.7200	0.6600	0.8800	1.0000		
328-7	0.8000	0.6400	0.8000	0.8200	0.8800	0.8400	0.7600	0.7400	0.8000	0.7600	1.0000	
2252-7	0.8400	0.7600	0.8800	0.7800	0.8000	0.8400	0.8000	0.7000	0.8000	0.7200	0.8000	1.0000

ANEXO C – Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, entre 25 acessos da coleção de clones da EMBRAPA (CNP¹)
 Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009. (continuação)

	386-7	2192-24	388-37	105-2	1125-1	280-10	2242-18	383-19	2254-8	804-2	328-7	2252-7	387-1
387-1	0.7800	0.6600	0.7800	0.8400	0.9000	0.8200	0.7400	0.7200	0.8200	0.8600	0.9000	0.7800	1.0000
2242-31	0.7200	0.7200	0.7600	0.7800	0.7600	0.7600	0.7600	0.6600	0.7600	0.7200	0.7200	0.8400	0.7400
25-1	0.7200	0.6800	0.7200	0.7800	0.8000	0.7200	0.7200	0.6600	0.8000	0.9200	0.7600	0.6800	0.8600
382-1	0.7000	0.6200	0.7400	0.8000	0.8200	0.7800	0.7400	0.6400	0.8200	0.7800	0.8200	0.7800	0.8800
67-2	0.8000	0.7600	0.8000	0.8600	0.8000	0.7600	0.8000	0.7400	0.8000	0.8000	0.8000	0.8400	0.8600
40-1	0.7200	0.6800	0.7600	0.7800	0.7200	0.7600	0.8000	0.6600	0.7600	0.7200	0.7200	0.8000	0.7400
2274-3	0.6800	0.7200	0.7200	0.7400	0.8000	0.8000	0.6800	0.6200	0.6800	0.6800	0.7600	0.7600	0.7800
17-10	0.7600	0.7600	0.7600	0.8600	0.8000	0.7600	0.8400	0.7000	0.8000	0.8000	0.8000	0.8000	0.8600
2200-5	0.7400	0.6600	0.7800	0.7200	0.7400	0.8200	0.8200	0.5600	0.7800	0.7000	0.7400	0.8200	0.7200
27-1	0.7800	0.7800	0.7800	0.7600	0.7800	0.8600	0.8200	0.6400	0.7400	0.7400	0.7400	0.7800	0.7600
370-1	0.7400	0.7000	0.7800	0.7600	0.8200	0.7800	0.7400	0.6000	0.7400	0.7800	0.7800	0.7800	0.8000
2242-2	0.7200	0.7200	0.7600	0.7400	0.7600	0.7600	0.7200	0.5800	0.7600	0.7200	0.7200	0.8000	0.7400
2254-47	0.7400	0.6600	0.7800	0.8000	0.8600	0.7400	0.7400	0.6800	0.7400	0.7400	0.7800	0.8200	0.8000

ANEXO C – Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, entre 25 acessos da coleção de clones da EMBRAPA (CNPH¹)

Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009. (conclusão)

	2242-31	25-1	382-1	67-2	40-1	2274-3	17-10	2200-5	27-1	370-1	2242-2	2254-47
2242-31	1.0000											
25-1	0.7600	1.0000										
382-1	0.8200	0.8200	1.0000									
67-2	0.8400	0.8400	0.8600	1.0000								
40-1	0.8000	0.7600	0.8200	0.8400	1.0000							
2274-3	0.8000	0.6800	0.7800	0.7200	0.7200	1.0000						
17-10	0.8000	0.8400	0.8600	0.9600	0.8400	0.7600	1.0000					
2200-5	0.8200	0.7400	0.8400	0.7400	0.8200	0.7800	0.7800	1.0000				
27-1	0.7000	0.7800	0.7200	0.7400	0.7800	0.7800	0.7800	0.8400	1.0000			
370-1	0.7400	0.7800	0.8400	0.7800	0.8200	0.8200	0.8200	0.8800	0.8000	1.0000		
2242-2	0.8400	0.7200	0.7800	0.7600	0.7600	0.8800	0.8000	0.8600	0.7800	0.8200	1.0000	
2254-47	0.8200	0.7800	0.8400	0.8200	0.8200	0.8200	0.8200	0.8000	0.8000	0.8000	0.7800	1.0000

ANEXO D – Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, para 23 acessos da coleção de cultivares comerciais de batata (EPAMIG).
 Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009 (continua)

	Opal	Voya	Colo	Flori	Natu	Éden	Gour	Font	Catu	Cane	Emer	Chipi
Opal	1.0000											
Voya	0.6500	1.0000										
Colo	0.5200	0.6667	1.0000									
Flori	0.5714	0.5000	0.5217	1.0000								
Natu	0.5217	0.6000	0.6818	0.4348	1.0000							
Éden	0.3929	0.5000	0.5769	0.3846	0.5833	1.0000						
Gour	0.5652	0.8333	0.7273	0.4348	0.6667	0.5600	1.0000					
Font	0.6250	0.6364	0.5769	0.5652	0.5200	0.4483	0.6250	1.0000				
Catu	0.4483	0.5000	0.5172	0.3448	0.6400	0.6071	0.6154	0.5517	1.0000			
Cane	0.6250	0.5652	0.4643	0.5417	0.4615	0.5000	0.5000	0.5556	0.5517	1.0000		
Emer	0.6190	0.6316	0.6364	0.6842	0.5000	0.3704	0.5455	0.6087	0.4286	0.6087	1.0000	
Chipi	0.5909	0.7778	0.5417	0.5000	0.5455	0.5200	0.6667	0.5833	0.5185	0.6522	0.6500	1.0000

Opal: Opaline, Voya: Voyager, Colo: Colorado, Flor: Florice, Natu: Naturella, Éden, Gour: Gourmandine, Font: Fontane, Catu: Catucha, Cane: Canelle, Emer: Emerald, Chipi: Chipie

ANEXO D – Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, para 23 acessos da coleção de cultivares comerciais de batata (EPAMIG)
Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009 (continuação)

	Opal	Voya	Colo	Flori	Natu	Éden	Gour	Font	Catu	Cane	Emer	Chipi
Ágat	0.6000	0.6087	0.9091	0.5417	0.6250	0.5357	0.6667	0.6538	0.5333	0.5357	0.7273	0.5600
Mona	0.6522	0.6667	0.7391	0.6667	0.4800	0.4138	0.5833	0.7083	0.4667	0.5185	0.8000	0.6087
Eole	0.5417	0.5455	0.5000	0.4167	0.5652	0.6000	0.5417	0.4815	0.4828	0.4815	0.4583	0.5000
Melo	0.6667	0.7778	0.5417	0.4348	0.5455	0.4615	0.6667	0.5833	0.5185	0.6522	0.6500	0.8889
Gredi	0.6522	0.7500	0.6000	0.4000	0.6087	0.5185	0.7273	0.5769	0.6296	0.6400	0.5652	0.7619
Brs/A	0.7391	0.6818	0.6800	0.4800	0.6250	0.4828	0.6667	0.6538	0.5333	0.6538	0.6522	0.6250
Atla	0.7727	0.5652	0.5769	0.5652	0.5200	0.5000	0.5600	0.5556	0.4516	0.6800	0.5417	0.5833
Aste	0.6000	0.4800	0.5000	0.5833	0.3929	0.3438	0.4815	0.5926	0.3939	0.4828	0.5833	0.5000
Caes	0.6250	0.5652	0.5769	0.5000	0.5200	0.5556	0.5000	0.5000	0.4063	0.5556	0.5417	0.4615
Brs/E	0.5385	0.5417	0.6800	0.6087	0.5600	0.4333	0.5385	0.7200	0.5862	0.5926	0.7273	0.5000
Solé	0.5600	0.5000	0.7826	0.5385	0.5600	0.5000	0.5600	0.5556	0.5000	0.5926	0.5833	0.4444

Opal: Opaline, Voya: Voyager, Colo: Colorado, Flor: Florice, Natu: Naturella, Éden, Gour: Gourmandine,
Font: Fontane, Catu: Catucha, Cane: Canelle, Emer: Emeralde, Chipi: Ágat: Ágata, Mona: Monalisa, Eole,
Melo: Melody, Gredi: Gredine, BRS/A: Brs Ana, Atla: Atlantic, Aste: Asterix, Caes: Caesar, Brs/E: Brs Elisa, Solé: Soléia

ANEXO D – Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, para 23 acessos da coleção de cultivares comerciais de batata (EPAMIG)
 Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009 (conclusão)

	Ágat	Mona	Eole	Melo	Gredi	Brs/A	Atla	Aste	Caes	Brs/E	Solé
Ágat	1.0000										
Mona	0.8261	1.0000									
Eole	0.4643	0.4444	1.0000								
Melo	0.5600	0.6087	0.5652	1.0000							
Gredi	0.6154	0.6000	0.6957	0.8500	1.0000						
Brs/A	0.7600	0.6800	0.5769	0.6957	0.7500	1.0000					
Atla	0.6538	0.5769	0.5385	0.5833	0.6400	0.7917	1.0000				
Aste	0.5714	0.6154	0.4643	0.5600	0.5000	0.6296	0.5926	1.0000			
Caes	0.5926	0.5769	0.7391	0.5200	0.5769	0.6538	0.6154	0.5357	1.0000		
Brs/E	0.7600	0.7500	0.4643	0.5000	0.5556	0.6296	0.5357	0.5172	0.5357	1.0000	
Solé	0.7917	0.6400	0.4286	0.5000	0.5185	0.6538	0.6154	0.5172	0.5556	0.6538	1.0000

Opal: Opaline, Voya: Voyager, Colo: Colorado, Flor: Florice, Natu: Naturella, Éden, Gour: Gourmandine,
 Font: Fontane, Catu: Catucha, Cane: Canelle, Emer: Emerald, Chipi: Ágat: Ágata, Mona: Monalisa, Eole,
 Melo: Melody, Gredi: Gredine, BRS/A: Brs Ana, Atla: Atlantic, Aste: Asterix, Caes: Caesar, Brs/E: Brs Elisa, Solé: Soléia

ANEXO E – Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, entre 26 acessos da coleção de clones da EMBRAPA(CNPH²)
Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009

(continua)

	90	201	265	359	1870	34	85	269	280	582	5	121
90	1.0000											
201	0.7857	1.0000										
265	0.6154	0.7143	1.0000									
359	0.5000	0.5909	0.5556	1.0000								
1870	0.5263	0.5000	0.4211	0.7391	1.0000							
34	0.5238	0.4800	0.4500	0.6923	0.6800	1.0000						
85	0.5789	0.6667	0.5556	0.8261	0.7391	0.7600	1.0000					
269	0.5556	0.5000	0.4500	0.6000	0.6522	0.7500	0.6667	1.0000				
280	0.6111	0.5000	0.4737	0.6667	0.6522	0.6800	0.7391	0.8095	1.0000			
582	0.4348	0.4615	0.5500	0.7308	0.5926	0.6207	0.7308	0.6538	0.7200	1.0000		
5	0.4737	0.4762	0.6875	0.4615	0.3846	0.4286	0.5200	0.5652	0.6364	0.6400	1.0000	
121	0.5000	0.5500	0.8000	0.5200	0.4400	0.4815	0.5833	0.6364	0.6364	0.6400	0.8889	1.0000

ANEXO E – Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, entre 26 acessos da coleção de clones da EMBRAPA(CNPH²)
Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009 (continuação)

	90	201	265	359	1870	34	85	269	280	582	5	121
286	0.5500	0.4583	0.4500	0.6800	0.7391	0.7600	0.7500	0.7391	0.8182	0.7308	0.5833	0.5200
511	0.5238	0.4800	0.5000	0.7600	0.6800	0.6429	0.6923	0.6800	0.7500	0.8800	0.5385	0.5385
575	0.5000	0.4583	0.4737	0.6800	0.7391	0.7600	0.6800	0.7391	0.6667	0.7308	0.4615	0.4615
679	0.5000	0.5217	0.4737	0.7500	0.7391	0.6923	0.8261	0.6667	0.7391	0.8000	0.5200	0.5200
743	0.4286	0.4583	0.4737	0.6800	0.6000	0.6296	0.6800	0.5385	0.6000	0.7308	0.5200	0.5200
133	0.5000	0.4800	0.5000	0.7600	0.6154	0.6429	0.6923	0.5556	0.6800	0.8077	0.5385	0.4815
223	0.6471	0.5714	0.5882	0.6000	0.5833	0.6800	0.6667	0.5200	0.5833	0.5357	0.4400	0.5000
253	0.5000	0.5217	0.4737	0.6154	0.6667	0.7600	0.7500	0.6000	0.6000	0.5517	0.4615	0.5200
266	0.5789	0.5217	0.5556	0.6154	0.6667	0.7600	0.7500	0.6667	0.6667	0.6071	0.5200	0.5833
277	0.4737	0.4348	0.5882	0.6667	0.5833	0.6800	0.6667	0.5833	0.6522	0.7200	0.5652	0.6364
299	0.3333	0.3704	0.4500	0.5172	0.5000	0.6429	0.5714	0.5000	0.5000	0.5667	0.5385	0.5385
451	0.5789	0.5455	0.5000	0.5769	0.5600	0.6538	0.5769	0.6957	0.6250	0.5714	0.5417	0.6087
769	0.5385	0.5000	0.6667	0.5500	0.4500	0.5000	0.4762	0.6111	0.5556	0.5714	0.5294	0.6250
846	0.6471	0.5500	0.5000	0.5833	0.5000	0.5385	0.5200	0.5652	0.6364	0.5185	0.5455	0.5455

ANEXO E – Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, entre 26 acessos da coleção de clones da EMBRAPA(CNPH²)
 Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009 (conclusão)

	286	511	575	679	743	133	223	253	266	277	299	451	769	846
286	1.0000													
511	0.7600	1.0000												
575	0.8261	0.8333	1.0000											
679	0.8261	0.8333	0.8261	1.0000										
743	0.6800	0.7600	0.6800	0.8261	1.0000									
133	0.7600	0.8400	0.7600	0.7600	0.7600	1.0000								
223	0.6000	0.6154	0.6000	0.6000	0.6667	0.6154	1.0000							
253	0.6800	0.5714	0.6154	0.6800	0.7500	0.5714	0.8182	1.0000						
266	0.7500	0.6296	0.6800	0.6800	0.6800	0.5714	0.8182	0.9091	1.0000					
277	0.6667	0.6800	0.6000	0.6667	0.8182	0.6800	0.7273	0.7391	0.7391	1.0000				
299	0.5714	0.5333	0.5172	0.5714	0.6296	0.4839	0.5556	0.6923	0.6296	0.6154	1.0000			
451	0.6400	0.5926	0.5769	0.5769	0.6400	0.5926	0.5600	0.6400	0.6400	0.6957	0.4828	1.0000		
769	0.4762	0.6000	0.5238	0.4762	0.5789	0.5238	0.5556	0.5000	0.5500	0.7500	0.4545	0.6111	1.0000	
846	0.5833	0.6000	0.5200	0.5200	0.5833	0.6667	0.5652	0.5200	0.5200	0.6364	0.3793	0.8500	0.6250	1.0000

ANEXO F– Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, entre 19 acessos de batata da coleção de cultivo orgânico
Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009 (continua)

	MELO	CATU	ÁGAT	CUPI	IBIT	NI*	ÉDEN	ARAC	VIVA	ASTE	APUÃ	NOVE
MELO	1.0000											
CATU	0.6552	1.0000										
ÁGAT	0.8000	0.6667	1.0000									
CUPI	0.5926	0.5357	0.6000	1.0000								
IBIT	0.7407	0.6207	0.6923	0.7500	1.0000							
NI*	0.8077	0.6207	0.7600	0.6800	0.8400	1.0000						
ÉDEN	0.5000	0.6154	0.5000	0.5417	0.4643	0.4643	1.0000					
ARAC	0.6897	0.6897	0.6429	0.5714	0.7143	0.8462	0.4333	1.0000				
VIVA	0.7692	0.4839	0.5926	0.5769	0.7308	0.6667	0.3793	0.62069	1.0000			
ASTE	0.7692	0.6429	0.6538	0.5769	0.7308	0.8000	0.5385	0.7407	0.6296	1.0000		
APUÃ	0.6071	0.5000	0.5000	0.5385	0.5714	0.6296	0.5000	0.5862	0.5926	0.7200	1.0000	
NOVE	0.6071	0.5000	0.5556	0.6000	0.6296	0.5714	0.5600	0.4839	0.5926	0.5926	0.5556	1.0000

Melo: Melody, Catu: Catucha, Ágat: Ágata, Cupi: Cupido, Ibit: Ibituaçu, NI*: Não Identificada, Éden, Arac: Aracy, Viva: Vivaldi, Aste: Asterix, Apuã, Nove: Novella

ANEXO F – Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, entre 19 acessos de batata da coleção de cultivo orgânico
Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009 (continuação)

	MELO	CATU	ÁGAT	CUPI	IBIT	NI*	ÉDEN	ARAC	VIVA	ASTE	APUÃ	NOVE
ARAR	0.6296	0.6923	0.6400	0.5000	0.5926	0.7200	0.4615	0.8000	0.6154	0.6800	0.5769	0.4138
ITAR	0.6071	0.7308	0.6154	0.5385	0.5714	0.6923	0.5000	0.7692	0.4828	0.7200	0.5556	0.4483
A1520	0.7692	0.5862	0.7200	0.6400	0.7308	0.8000	0.5385	0.7407	0.6296	0.8333	0.6538	0.5926
A2154	0.8750	0.6667	0.8261	0.6000	0.6923	0.8333	0.5000	0.7037	0.6538	0.7200	0.6154	0.5556
A165	0.7037	0.5333	0.6538	0.5769	0.7308	0.7308	0.4286	0.7407	0.6923	0.5714	0.4828	0.5357
CAES	0.5333	0.4839	0.5357	0.5185	0.5517	0.6071	0.4815	0.5667	0.5172	0.5714	0.3871	0.4333
TOND	0.6786	0.5667	0.6296	0.6154	0.6429	0.6429	0.5769	0.6000	0.6667	0.5517	0.4194	0.5714

Melo: Melody, Catu: Catucha, Ágat: Ágata, Cupi: Cupido, Ibit: Ibituaçu, NI*: Não Identificada, Éden, Arac: Aracy, Viva: Vivaldi, Aste: Asterix, Apuã, Nove: Novella, Arar: Aracy Ruiva, Itar: Itararé, A1520: APTA 15-20, A2154: APTA 21-54, A165: APTA 16-5, Caes: Caesar, Tond: Tondra

ANEXO F – Matriz de distâncias genéticas, utilizando 10 *primers* SSR, entre 19 acessos de batata da coleção de cultivo orgânico
Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, da ESALQ/USP, Piracicaba-SP, 2009 (conclusão)

	ARAR	ITAR	A1520	A2154	A165	CAES	TOND
ARAR	1.0000						
ITAR	0.7083	1.0000					
A1520	0.6154	0.6538	1.0000				
A2154	0.7083	0.6800	0.6538	1.0000			
A165	0.6154	0.5926	0.6923	0.6538	1.0000		
CAES	0.5556	0.5357	0.5714	0.5357	0.5714	1.0000	
TOND	0.5357	0.5172	0.6071	0.6296	0.7308	0.6667	1.0000

Arar: Aracy Ruiva, Itar: Itararé, A1520: APTA 15-20, A2154: APTA 21-54,
A165: APTA 16-5, Caes: Caesar, Tond: Tondra