

Área de submissão: Biotecnologia e Melhoramento Genético

ANÁLISE MULTIVARIADA NA ESTIMATIVA DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE CLONES DE BATATA DOCE

Adrielly C. Dantas¹, Marcelo Cavalcante¹, Jamerson M. Santos¹, Matheus V. dos Santos¹

¹*Instituto Federal de Alagoas – IFAL/Campus Maragogi, Maragogi-AL, e-mail: acd2@aluno.ifal.edu.br*

RESUMO: A batata doce é uma espécie tuberosa, da família *Convolvulaceae*, originada na América Central que, devido a alogamia, decorrente aos mecanismos de autoimcompatibilidade e esterelidade, conduz a polinização cruzada, que promove um alto grau de heterozigosidade, observada em caracteres da parte aérea e da raiz. A variabilidade genética de populações consiste em patrimônio da humanidade, sendo a base dos programas de melhoramento genético, podendo ser estimada por macadores morfológicos, por meio de modelos estatísticos, a exemplo da análise multivariada e de métodos de agrupamentos. Com isso, é possível identificar duplicatas na coleção e indicar cruzamentos dos genótipos mais dissimilares. Portanto, esta pesquisa objetivou estimar a divergência genética entre clones de batata doce, por meio da análise multivariada. Em 10 genótipos gerados no Centro de Ciências Agrárias/UFAL, por meio de populações de polinização livre, os clones foram plantados em baldes de 20 L no Ifal/Campus Maragogi e, aos 120 dias, foram avaliados quatro descritores quantitativos da parte aérea (comprimentos da folha, do entrenó e da haste principal, diâmetro do entrenó) e três da raiz (peso, comprimento e espessura do córtex), aplicando-se a análise de componentes principais, utilizando-se a distância euclidiana com os dados padronizados como medida de dissimilaridade. O método de agrupamento foi o de Tocher, aplicando-se a correlação cofenética para averiguar a robustez do agrupamento, empregando-se o teste de Mantel ($P<0,05$). Observou-se que os dois primeiros componentes principais explicaram 71,2% da variação total e que, quando associada a formação de três grupos de dissimilaridade pelo método de Tocher e correlação cofenética de 0,75**, indicaram a existência de divergência genética entre os clones. As variáveis diâmetro do entrenó e comprimento da folha foram as que mais contribuiram para divergência. Portanto, a partir dos resultados, é possível a indicação de cruzamentos para obtenção de híbridos com maior heterose.

PALAVRAS-CHAVE: *Ipomoea batatas*, variabilidade genética, componentes principais.

AGRADECIMENTOS

À Pró-Reitoria de Pesquisa, Pós-Graduação e Inovação do Ifal (PRPPI), pela concessão da bolsa de Iniciação Científica (PIBIC), e ao Ifal/Campus Maragogi, pela estrutura física e as condições para execução da pesquisa.