UNIVERSIDADE FEDERAL DOS VALES DO JEQUITINHONHA E MUCURI – UFVJM
PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO VEGETAL

ELISÂNGELA KNOBLAUCH VIEGA DE ANDRADE

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE

DIAMANTINA - MG
2014

ELISÂNGELA KNOBLAUCH VIEGA DE ANDRADE

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação *Stricto Sensu* em Produção Vegetal da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, área de concentração Produção Vegetal, para obtenção do título de "Mestre".

Orientador: Prof. Dr. Valter Carvalho de Andrade Júnior

DIAMANTINA - MG
2014

FICHA CATALOGRÁFICA

Ficha Catalográfica – Serviço de Bibliotecas/UFVJM
Bibliotecário Anderson César de Oliveira Silva, CRB6 – 2618.

A553c

Andrade, Elisangela Knoblauch Viega de
Caracterização morfológica e molecular de genótipos de batata-doce / Elisangela Knoblauch Viega de Andrade. – Diamantina: UFVJM, 2014.
59 p. : il.

Orientador: Valter Carvalho de Andrade Júnior

Dissertação (Mestrado – Curso de Pós-Graduação em Produção Vegetal) - Faculdade Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

1. Ipomoea batatas (L.). 2. Marcadores morfológicos. 3. Microssatélites. 4. Diversidade genética. 5. Convolvulaceae. I. Título II. Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

CDD 635.22

Elaborado com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

ELISÂNGELA KNOBLAUCH VIEGA DE ANDRADE

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICAE MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação *Stricto sensu* em Produção Vegetal da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, área de concentração Produção Vegetal, para obtenção do título de "Mestre".

APROVADA em 24 de outubro de 2014.

COMISSÃO EXAMINADORA

_____
Prof. Dr. Demerson Arruda Sanglard – UFMG
Membro

_____
Prof. Dra. Márcia Regina Costa – UFVJM
Membro

_____
Prof. Dr. José Sebastião Cunha Fernandes- UFVJM
Membro

_____
Prof. Dr. Valter Carvalho de Andrade Júnior – UFVJM
Presidente

DIAMANTINA – MG
2014

OFEREÇO

A Deus, pelo dom
da minha vida, e pela força
espiritual para a realização deste trabalho.

Dedico esta dissertação aos meus pais Washington
Filho e Elisabeth, aos meus irmãos Wallynson
e Wanderson, aos meus avós Washington
e Jandira, e a todos os meus amigos e
familiares como agradecimento
por todo carinho e apoio.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) e ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, pela oportunidade de realização do curso.

Às instituições que apoiaram com recurso financeiro, concessão de bolsa de estudo e disponibilização de recursos financeiros: CNPq, Capes, FAPEMIG, UFVJM.

Ao orientador Prof. Dr. Valter Carvalho de Andrade Júnior pela orientação, oportunidade, aprendizado e também pela sua compreensão e profissionalismo.

Ao Prof. Dr. Marcelo Luiz Laia, que disponibilizou o Laboratório de Genética e Biotecnologia Florestal-UFVJM, nas realizações das análises laboratoriais, pelos ensinamentos, paciência, disponibilidade e pela expressiva contribuição neste trabalho.

Aos professores Dr. José Sebastião Cunha, Dr. Demerson e Dra. Márcia Regina por aceitarem fazerem parte da minha banca examinadora.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, pelos ensinamentos durante as disciplinas cursadas.

Ao Altino, pela amizade, auxílio nas atividades de coleta, extração, disponibilidade e contribuição direta na realização deste trabalho.

Ao Edson, pela disponibilidade, colaboração e auxílio na dissertação.

À Ariadne, pelos incansáveis auxílios, paciência, ensinamentos e disponibilidade.

Ao Alcinei, por sua atenção e disponibilidade quanto as questões estatísticas.

Aos amigos, Amanda Gonçalves, Amanda Miranda, Daiana, Letícia, Lorena, Marcone, Kamilla Carvalho, Kamila Antunes, Rodrigo e Tarço pela amizade, e pelos momentos de descontração durante os dois anos de realização deste trabalho.

Aos amigos Camila, Jeniffer, Luana, Thiago, Vanêssa e Vitor, por estarem sempre comigo apesar da distância, o tempo nunca irão nos separar.

Aos companheiros da Olericultura, Ahmed, Albert, Altino, Jorge, Marcos Aurélio, Nermy, Samuel e Thalita por colaboram para a conclusão dessa etapa**.**

Aos colegas do Laboratório, Any, Flávia, Júnia, Juliana, Luiz Paulo e Thatiane que partilharam esta conquista.

Aos funcionários do setor de olericultura, em especial ao Teodoro e ao técnico do setor Adélson pela amizade e auxilio na realização deste trabalho.

E finalmente, agradeço a todos que me ajudaram direta ou indiretamente para desenvolvimento deste projeto para que este momento se realizasse. MUITO OBRIGADA a todos vocês!

RESUMO

ANDRADE, E.K.V. de. **CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE.** 2014. 59p. (Dissertação - Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, 2014.

Objetivou-se realizar a caracterização morfológica e molecular de genótipos de batata-doce do banco de germoplasma da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM). Para a caracterização morfológica, o experimento foi conduzido no Setor de Olericultura da UFVJM sendo avaliados 60 genótipos de batata-doce, utilizando 24 descritores morfológicos, tanto da parte aérea quanto da parte radicular. As avaliações da parte aérea foram realizadas 60 e 90 dias após o plantio, e as avaliações da parte radicular foram realizadas após a colheita aos 150 dias após o plantio. Para a caracterização molecular foram utilizadas amostras foliares de 60 acessos oriundos do banco de germoplasma-UFVJM. A extração do DNA foi realizada no Laboratório de Genética e Biotecnologia Florestal (UFVJM), utilizando o método Fenol-Clorofórmio. Para a amplificação do DNA, foram utilizados onze *primers* microssatélites específicos para a batata-doce. A diversidade morfológica e molecular foi obtida por meio da geração de matrizes de dissimilaridade baseando-se no coeficiente de coincidência simples e índices de Jaccard, respectivamente. Para o estudo da divergência recorreu-se ao dendrograma ilustrativo obtido pelo método UPGMA e ao agrupamento de Tocher. Para as matrizes de dissimilaridade obtida com os dados morfológicos e moleculares foram estimadas distâncias genéticas variando de 0,08 a 0,92 com média 0,52 e 0,14 a 1, com média 0,76, respectivamente. Observou-se pelos dendrogramas de dissimilaridade e pelo agrupamento de Tocher, que os acessos de batata-doce do banco de germoplasma da UFVJM apresentaram diversidade genética e fenotípica, sendo promissores em programas de melhoramento desta cultura.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas* (L.), marcadores morfológicos, microssatélites, diversidade genética, Convolvulaceae.

ABSTRACT

ANDRADE, E.K.V. de. **MOLECULAR AND MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION OF GENOTYPES OF SWEET POTATO.** 2014**.** 59p. Dissertation (Masters in Vegetable Production) – Federal University of the Jequitinhonha and Mucuri Vales, Diamantina, 2014.

The objective was to make the morphological and molecular characterization of sweet potato genotypes of the germplasm bank of the Federal University of the Jequitinhonha and Mucuri Vales (UFVJM). For morphological characterization, the experiment was conducted in the Horticulture Sector of UFVJM being evaluated 60 sweet potato genotypes, using 24 morphological descriptors of both the shoots as the root part. The shoot evaluations were performed 60 and 90 days after planting, and ratings of roots were done after harvest at 150 days after planting. The molecular characterization leaf samples from 60 hits coming from the germplasm bank-UFVJM were used. DNA extraction was performed in Forest Genetics and Biotechnology Laboratory (UFVJM) using the phenol-chloroform method. For amplification of DNA eleven microsatellite primers specific for the sweet potato were used. The morphological diversity and Molecular was obtained by generating dissimilarity matrices based on the simple matching coefficient of Jaccard indices, respectively. To study the divergence appealed to the illustrative dendrogram by UPGMA and Tocher grouping. For dissimilarity matrices obtained with morphological and molecular data were estimated genetic distances ranging from 0,08 to 0,92 with a mean 0,52 and 0,14 to 1, with mean 0,76, respectively. It was observed by dendrograms of dissimilarity and the Tocher group, the sweet potato accessions of germplasm bank of UFVJM showed genetic and phenotypic diversity, and promising in breeding programs of this culture.

Key words: *Ipomoea batatas* (L.), morphological markers, microsatellites, genetic diversity, Convolvulaceae.

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1. Dendrogramas obtidos pelo método UPGMA a partir das matrizes de dissimilaridades com base nos dados multicategóricos e moleculares entre 60 genótipos de batata-doce (*Ipomoea batatas*). UFVJM, Diamantina-MG, 2014.....33

LISTA DE TABELAS

TABELA 1. Análise química do solo. UFVJM, Diamantina-MG, 2014.....13

TABELA 2. Relação dos 60 genótipos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes ao Banco de Germoplasma da UFVJM, e seu local de origem. UFVJM, Diamantina-MG, 2014.....14

TABELA 3. Escalas de notas referentes a cada descritor morfológico usado na caracterização de 60 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*), de acordo com IBPGR, elaborado por Huamán (1991). UFVJM, Diamantina-MG, 2014.....15

TABELA 4. Notas dos descritores morfológicos utilizados na caracterização de 60 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*). UFVJM, Diamantina-MG, 2014.....26

TABELA 5. Lista dos pares de *primers* SSR selecionados para a amplificação do DNA de genótipos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) com suas respectivas sequências de bases e número de bandas polimórficas geradas. UFVJM, Diamantina-MG, 2014.....28

TABELA 6. Estatísticas descritivas e correlações entre as matrizes de dissimilaridade estimada a partir de dados multicategóricos e moleculares, no estudo da divergência genética entre 60 genótipos de batata-doce (*Ipomoea batatas*). UFVJM, Diamantina-MG, 2014.....30

TABELA 7. Agrupamento de Tocher obtido a partir de matrizes de dissimilaridade estimadas com os dados multicategóricos e moleculares, no estudo da divergência genética entre 60 genótipos de batata-doce (*Ipomoea batatas*). UFVJM, Diamantina-MG, 20.....34

SUMÁRIO

RESUMO.....i

ABSTRACT ii

LISTA DE FIGURAS iii

LISTA DE TABELAS iii

2. REFERENCIAL TEÓRICO..... 2

2.1. Cultura da batata-doce 2

2.2. Caracterização Morfológica 7

2.3. Caracterização Molecular 9

2.4. Divergência Genética 12

3. MATERIAL E MÉTODOS..... 13

3.1. Caracterização Morfológica 13

3.2. Caracterização Molecular 17

3.2.1. Extração de DNA..... 17

3.2.2. Amplificação do material genético por meio da PCR 19

3.3. Análise da Divergência Genética 20

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO 22

5. CONCLUSÕES 36

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 36

APÊNDICE 48

1. INTRODUÇÃO

A batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] é uma hortaliça tuberosa de grande importância econômica e social, principalmente para as regiões mais carentes do mundo, sendo uma das mais importantes fontes de alimento (Oliveira et al., 2005). Dentre os fatores relacionados à sua importância estão a rusticidade para produção, resistência a pragas e doenças, baixa exigência em fertilidade do solo e tolerância à seca, o que confere baixo custo de produção e fácil manejo, além da capacidade de adaptação a diferentes locais para cultivo (Monteiro, 2007). Assim, o cultivo de batata-doce garante investimentos mínimos e retorno elevado, resultando em geração de renda, que além de desempenhar uma função social, contribui para a manutenção do homem no campo (Zero & Lima, 2005).

No cenário mundial, os grandes produtores são: China, Indonésia, Índia e Japão. A China produz aproximadamente 3.685.254 t ano^{-1} com produtividade média de 23,1 t ha^{-1} (FAO, 2010). Destaca-se que a batata-doce é a quinta mais importante fonte de alimento em todo o mundo, juntamente com arroz, trigo, milho e mandioca (CIP, 2010).

No Brasil, a cultura da batata-doce é bem antiga, bastante disseminada, com relevância econômica e ampla aceitação popular. Além disso, é cultivada principalmente por pequenos produtores rurais, em sistemas agrícolas com reduzida entrada de insumos (Souza, 2000). De acordo com Monteiro (2007), como a cultura é nativa, já era cultivada pelas populações indígenas muito antes do descobrimento do país. É a quarta hortaliça mais cultivada em território brasileiro, sendo produzidas 479.400 t em 40.120 ha, com produtividade média de 12,2 t ha^{-1} (IBGE, 2012).

Por estar relacionada ao pequeno produtor, no Brasil a cultura é muito importante em regiões com agricultura pouco desenvolvida. Em Minas Gerais, está localizado o Vale do Jequitinhonha, uma região diversificada e de agricultura pouco desenvolvida em função das condições climáticas, dentre outros fatores. Nesse contexto, o cultivo da batata-doce é uma excelente alternativa para a região, e de acordo com Andrade Júnior et al. (2009) a produtividade pode chegar a 45,4 t ha^{-1}.

A batata-doce apresenta enorme variabilidade genética, o que lhe confere adaptabilidade a diferentes condições edafoclimáticas (Vilas Boas et al., 1999). Porém, mudanças nos hábitos de consumo com a cultura tem colaborado para a perda de genótipos com características de interesse agronômico, sendo de grande importância a manutenção de acessos de batata-doce em bancos de germoplasma e estudos da divergência genética entre os materiais (Andrade Júnior et al., 2009). Os cruzamentos dialélicos permitem identificar

combinações híbridas de maior efeito heterótico de maneira que, nas gerações segregantes, seja possível recuperar os genótipos superiores (Cruz et al., 2012).

A caracterização morfológica é utilizada para fornecer identidade dos genótipos (clones), evitando-se duplicatas, bem como determinar a diversidade genética (Ramos & Queiroz, 1999). No mesmo sentido, a divergência genética pode ser avaliada por meio da utilização de marcadores moleculares: a obtenção de "*DNA fingerprint*" do material e a análise de polimorfismo das bandas de DNA (Blank et al., 2004)

Ferramentas genômicas como marcadores do tipo *Simple Sequence Repeats* (SSR), baseados em microssatélites, vêm sendo empregados em várias espécies de plantas cultivadas, para a diferenciação rápida entre indivíduos aparentados, devido à sua natureza multialélica, reprodutibilidade e co-dominância (Decroocq et al., 2003). Além disso, possuem uma distribuição frequente e aleatória, permitindo uma extensiva cobertura de todo o genoma (Li et al., 2002).

Ao considerar-se a importância da cultura da batata-doce e da grande diversidade genética existente entre os genótipos, torna-se fundamental caracterizar genótipos quanto à divergência genética, o que possibilitará a reunião de informações para programas de melhoramento.

Portanto, objetivou-se com este trabalho fazer a caracterização morfológica e molecular de genótipos de batata-doce do banco de germoplasma da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM).

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Cultura da batata-doce

A batata-doce é uma planta dicotiledônea, pertence à família Convolvulaceae e ao gênero Ipomoea. Nesse gênero, apenas [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] é hexaplóide, com 2n=6x=90 (Cardoso et al., 2005). Esta espécie é considerada a mais importante economicamente, dentre as famílias cultivada para fins alimentícios (Ribeiro & Bianchini, 1999).

A cultura da batata-doce apresenta elevado potencial de produção agrícola, além de ser uma das hortaliças tuberosas com maior capacidade de produzir energia por unidade de área e tempo (Kcal/ha/dia) (Cardoso et al., 2005; Silva, 2010). Porém, a produtividade brasileira

ainda é baixa, devido aos poucos cuidados de manejo da cultura, uso de cultivares em sua maioria suscetível a pragas e doenças de solo, plantio de materiais genéticos obsoletos e degenerados, dentre outros fatores (Marchese et al., 2010; Kalkmann et al., 2013).

Com relação às regiões de cultivo, a batata-doce é cultivada em latitudes de até 40º e em altitudes de até 2.700 metros. A cultura exige temperaturas acima de 24ºC, alta luminosidade, fotoperíodo longo e adequada umidade do solo. Em temperaturas baixas, combinadas com menor luminosidade, fotoperíodo curto e menor umidade do solo, ocorre o favorecimento da formação das raízes tuberosas. Por outro lado, diante de temperaturas menores que 10ºC, o desenvolvimento vegetativo é quase paralisado e a produtividade decresce (Folquer, 1978).

A batata-doce é considerada como uma cultura de subsistência, típica de áreas geográficas de baixa fertilidade, com múltiplos tipos de uso (Brito, 2003). Em solos pouco férteis, o uso de fertilizantes minerais e orgânicos proporciona incremento significativo na produtividade, enquanto que em doses elevadas de nutrientes (em especial potássio), ocorre decréscimo de produtividade devido à elevação da salinidade do solo (Brito et al., 2006).

Plantas de batata-doce possuem hábito de crescimento indeterminado, cultivada como cultura anual, embora seja perene, apresenta característica de armazenar reservas nutritivas em suas raízes tuberosas, ocorrendo a morte natural da planta somente com a ocorrência de fatores climáticos muito severos, como geada e seca muito prolongadas (Silva et al., 2002). Destaca-se também que a planta é do tipo herbácea e rastejante, possuindo caule do tipo ramas que se desenvolvem paralelamente ao solo. Normalmente são verdes ou arroxeadas, de comprimento variável, podendo alcançar até cinco metros. As folhas podem ser cordiformes, lanceoladas e recortadas, com pecíolos desenvolvidos. O limbo foliar possui formato diversificado: arredondado, reniforme, cordiforme, triangular, lanceolado, lobulado, às vezes, fendido ou partido, de coloração variável, inclusive nas nervuras. O tamanho do limbo e pecíolo, é variável com a cultivar, devido à condições climáticas, sendo maior nas épocas mais quentes do ano (Folquer, 1978).

As flores são hermafroditas, de colorações lilás ou arroxeadas, porém auto-incompativeis, o que favorece a fecundação cruzada. Em plantios comerciais, a propagação assexuada é efetuada por meio de ramas é a mais recomendada, por ser o método mais econômico e de maior praticidade (Folquer, 1978; Filgueira, 2008; Cavalcante et al., 2009).

O sistema radicular é muito vigoroso, varia de 75 a 90 cm, podendo atingir 1,60 metros. As raízes tuberosas comercializadas são constituídas por uma película externa fina, denominada casca. A parte interna é denominada polpa ou carne e ambas apresentam

coloração variáveis, desde branca a roxo, e podendo-se encontrar formatos variando desde redondo, elíptico-redondo, elíptico, oval, oboval, oblongo, oblongo-longo, elíptico-longo, longo irregular, fusiformes ou alongados (Miranda et al., 1995; Silva et al., 2008).

Durante o crescimento da planta são identificadas três fases fisiológicas: na primeira predomina o desenvolvimento da parte aérea cerca de 50 a 60 dias. A segunda fase ocorre o desenvolvimento vegetativo e radicial (tuberização), que vai da fase anterior até 90 a 105 dias; e na terceira fase, que prevalece a tuberização e deposição de matéria seca. De acordo com Queiroga et al. (2007), as alterações no crescimento da cultura da batata-doce são determinadas a partir de caracteres fisiológicos como massa seca das plantas (raízes, caules, folhas) e área foliar.

A batata-doce tem como origem as Américas Central e do Sul, estendendo-se desde a Península de Yucatan, no México, até a Colômbia. Relatos de seu uso constam há mais de dez mil anos, com base em análise de batatas secas encontradas em cavernas localizadas no vale de Chilca Canyon, no Peru, e em evidências contidas em escritos arqueológicos encontrados na região ocupada pelos Maias, na América Central (Silva et al., 2002).

Trata-se de uma cultura típica de clima tropical e subtropical, com reduzida entrada de insumos, além de rústica, de fácil manutenção, de ciclo curto, boa resistência a pragas e doenças, ampla adaptação a regiões áridas e secas e de custo baixo, com alto potencial produtivo (Tavares et al., 2007). Segundo Souza (2000), no Brasil, a batata-doce é uma cultura bastante antiga, cultivada principalmente por pequenos produtores rurais. Adicionalmente, o valor alimentício justifica sua ampla utilização, principalmente pela agricultura familiar.

Atualmente, a batata-doce pode ser considerada como uma cultura asiática, visto que grande parte da produção mundial é produzida e consumida na Ásia, apesar de ser consumida em mais de 100 países. A Ásia é hoje o maior continente produtor de batata-doce do mundo com aproximadamente 84% da produção. Do restante, 12,7% estão na África, 2,6% nas Américas, 0,6% na Oceania e 0,1% na Europa. Os países em desenvolvimento produzem e consomem mais de 97% do total mundial. No quadro mundial, os grandes países produtores de batata-doce são a China, Indonésia, Índia e o Japão, sendo que a China é o maior produtor mundial dessa hortaliça com produção anual de 3.685.254 t com produtividade média de 23,1 t ha^{-1} (FAO, 2010).

Com relação ao Brasil, destaca-se que o país é um centro secundário de diversidade da batata-doce (Austin, 1988). O país é o principal produtor da América Latina e em 2012, a

produção alcançou 479.425 t em área equivalente a 40.120 ha, proporcionando produtividade de tubérculo de 12,2 t ha^{-1} (IBGE, 2012).

A região Sul é a maior produtora de batata-doce com uma produtividade de 13,8 t ha^{-1}, sendo o Estado do Rio Grande do Sul o maior produtor do país com uma produção de 153.770 t. As regiões Nordeste e Sudeste ficam em segundo e terceiro lugar com uma produção 139.992 t e 95.469 t, respectivamente. No entanto, as maiores produtividades (27.986 e 15.838 t ha^{-1}) são obtidas nas regiões Centro-Oeste e Sudeste respectivamente (IBGE, 2012).

O Estado de Minas Gerais se destaca com produção de 37.582 t em 2.194 ha (IBGE, 2012). Em Diamantina-MG, a Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri-UFVJM possui um banco de germoplasma de batata-doce contendo materiais coletados na região do Vale do Jequitinhonha e também, materiais provenientes de outras regiões, como as cultivares Brazlândia Roxa, Brazlândia Rosada e Brazlândia Branca da Embrapa Hortaliças - CNPH, Brasília-DF (Viana et al., 2011). Esse banco contém materiais com produtividades variando entre 22,0 a 45,4 t ha^{-1}, ultrapassando a média nacional (Andrade Júnior et al., 2009).

Com relação a aspectos econômicos e sociais, Montes et al. (2008) analisaram o custo e rentabilidade da batata-doce e observaram que a cultura é muito importante para a geração de emprego e renda devido à expressiva demanda de mão-de-obra em operações manuais, tendo as práticas mecanizadas como principal item de custo do processo. Da mesma forma, Azevedo et al. (2002) destacam que a batata-doce é de grande importância, por participar no suprimento de calorias, vitaminas e minerais na alimentação humana e animal.

A batata-doce apresenta boas qualidades nutricionais, é fonte de energia, rica em fibras, minerais, vitaminas A, C e complexo B, potássio, ferro e cálcio, além de possuir grandes quantidades de metionina (Bovell Benjamin, 2007). As raízes apresentam teor de carboidratos variando entre 25 e 30%, dos quais 98% apresentam boa digestibilidade. Por ser um alimento que não contém glúten, torna-se uma alternativa para alimentação de pessoas com doenças celíacas (Rauen et al., 2005).

O principal produto comercial da batata-doce são as raízes tuberosas, que podem ser consumidas cozidas, assadas ou fritas (Murilo, 1990). Essas raízes também podem ser processadas e utilizadas como matéria-prima para produção de farinhas, macarrão, féculas, açúcares, xaropes, doces caseiros e industrializados, alimentos infantis e chips (Miranda et al., 1987; Savelli et al., 1995; Roesler et al., 2008).

As raízes de batata-doce apresentam uma elevada concentração calórica e são utilizadas tanto na alimentação humana como na alimentação de bovinos, suínos, aves e outros animais domésticos (Monteiro, 2007). A raspa, constituída de raízes picadas e secas, é

uma alternativa de complemento alimentar energético que pode ser adicionada à ração de animais, tanto de ruminantes como de não ruminantes (Silva et al., 2008).

O potencial de utilização da batata-doce não se limita ao consumo das raízes tuberosas. As silagens das ramas de batata-doce apresentam alta porcentagem de proteína bruta, carboidratos, perfil fermentativo adequados, e boa digestibilidade. Portanto apresentam grande potencial para utilização na alimentação animal, principalmente na alimentação de gado leiteiro (Viana et al., 2011).

Figueiredo (2010) analisou doze genótipos de batata-doce para utilização na alimentação humana e animal em Diamantina-MG, e observou produtividade de ramas variando de 6,04 a 21,57 t ha^{-1}. Viana et al. (2011), também em Diamantina-MG, avaliando a produtividade de matéria verde de genótipos de batata-doce, encontraram produtividade entre 18,52 a 64,62 t ha^{-1}.

As folhas e brotações possuem grande valor como forragem para os animais, principalmente aos ruminantes, devendo ser consumida "*in natura*" para melhor aproveitamento das vitaminas, atuando inclusive como estimulante da produção láctea. Além disso, podem ser preparadas como qualquer outra hortaliça de folha, em saladas ou cozidos, contribuindo para a redução do risco de desenvolvimento de doenças como câncer e problemas cardiovasculares e por serem saborosas e nutritivas (Miranda et al., 1989; Chang et al., 2007).

A batata-doce apresenta também grande potencial para a produção de etanol, embora pouco utilizada para esta finalidade. Esta cultura apresenta 14,72% de amido (base úmida) de alta qualidade, com rendimento potencial de 2,9 t ha^{-1} (Gonçalves Neto et al., 2011). O amido é a principal substância de reserva nas plantas superiores, como é o caso de grãos em cereais (milho, arroz) e de tubérculos e raízes (mandioca, batata e batata-doce). A produção de álcool a partir de batata-doce apresenta-se como um dos usos mais promissores (Leonel & Cereda, 2002).

Outro fator importante quando se deseja a obtenção de etanol, além do amido, é a produtividade de raízes tuberosas. Momenté et al. (2004) desenvolveram cultivares promissoras com alto potencial de produção de biomassa para a utilização como matéria-prima na produção de álcool. Estudos conduzidos por Silveira et al. (2002) indicam resultados promissores no processo de seleção de clones com produtividades entre 28 e 65 t ha^{-1}, nas condições edafoclimáticas do Estado do Tocantins.

A heterogeneidade de usos e de materiais cultivados é uma justificativa de investimento em pesquisas com fins de melhoramento. Por outro lado, o cultivo de genótipos

de batata-doce sem o prévio conhecimento gera baixa produtividade e menor aproveitamento, fato que faz com que o uso desses genótipos ainda seja modesto diante do potencial.

2.2. Caracterização Morfológica

A ocorrência de uma mesma cultivar com nomes diferentes, vice-versa, é bastante corriqueira em diversas regiões do país, e muito do que se sabe sobre a cultura da batata-doce vem do conhecimento popular (Daros et al., 2002). A coleta de acessos de batata-doce em propriedades rurais implicaria em uma situação que dois genótipos divergentes em um banco de germoplasma poderia corresponder ao mesmo genótipo (Moulin et al., 2012). Sendo assim, a presença de duplicatas não identificadas em bancos de germoplasma têm sido uma das principais limitações para a manutenção, preservação e conservação adequada do germoplasma de batata-doce, gerando problemas relacionados à organização e ao acesso do potencial de uso do recurso genético (Frankel; Bennet, 1970; Beuselinck; Steiner, 1992).

Segundo Carvalho et al. (2003) atividades de coleta, caracterização, multiplicação, documentação e conservação do germoplasma, estão relacionados ao enriquecimento dos recursos genéticos, e são de grande importância para otimizar o uso desses em programas de melhoramento genético de plantas.

A caracterização morfológica constitui uma etapa fundamental para o efetivo uso dos recursos genéticos conservados em bancos de germoplasma, uma vez que mais de 200 mil acessos de diversas espécies vegetais encontram-se armazenados em bancos espalhados por todo país, sem informações mínimas necessárias (Valls, 1988).

O sucesso de um programa de melhoramento se baseia na existência de variabilidade genética intraespecífica. Para o atendimento dessa demanda, é imprescindível que os acessos sejam bem caracterizados. Para a formação de produção-base, melhoristas têm recomendado o intercruzamento entre cultivares superiores e divergentes. As informações múltiplas de cada genótipo são expressas em medidas de dissimilaridade, as quais representam a diversidade que há no conjunto de acessos cultivados (Cruz, 2007).

A importância do germoplasma aumenta à medida que este se torna conhecido e documentado (Painting et al., 1995). A caracterização morfológica é um procedimento que, por meio da utilização de uma lista descritiva, fornece informações sobre o germoplasma conservando-o de forma mais efetiva para a sua utilização (Ramos & Queiroz, 1999). Esses marcadores permitem estudar a variabilidade genética de cada amostra (Daros et al., 2002), a

fim de excluir a possibilidade de duplicatas e o consequente estreitamento genético da espécie.

Marcadores morfológicos são descritores bastante acessíveis na quantificação da diversidade genética quando comparados com técnicas moleculares mais avançadas. Os mesmos vêm sendo utilizados na caracterização e avaliação da variabilidade genética de germoplasma (Melo Filho et al. 2000; Daros et al. 2002; Ritschel & Huamán, 2002), o que possibilita a orientação dos trabalhos a serem realizados com outros descritores mais numerosos, como os marcadores moleculares.

De acordo com Huamán (1996), a caracterização adequada de cultivares de batata-doce se embasa em caracteres morfoagronômicos, por isso, é necessário que os dados do experimento sejam provenientes da mesma época de colheita, do mesmo ambiente, da mesma densidade de plantio e que as plantas sejam cultivadas em condições favoráveis ao desenvolvimento adequado das mesmas, pois grande parte desses caracteres é altamente influenciada pelo ambiente.

Genótipos de batata-doce podem apresentar respostas diferentes à necessidade nutricional, hídrica, resistência às pragas e doenças, além de morfologia. Portanto, a caracterização de cada genótipo é de fundamental importância para que essa variabilidade possa ser utilizada de forma eficiente no desenvolvimento de novas cultivares, de acordo com as características das regiões para as quais serão destinadas (Schumacher et al., 2012)

Um dos grandes problemas no uso de caracteres morfológicos de uma determinada espécie é o grande número de descritores necessários e a grande influência ambiental tornando o método pouco eficiente, principalmente quando se considera caracteres métricos. Estes são condicionados por genes que consequentemente são muito influenciados pelo ambiente (Jesus, 2006).

Ainda que possam ser empregados marcadores bioquímicos, morfológicos e moleculares, os morfológicos, por serem de fácil aplicação, tem sido os mais utilizados na caracterização de germoplasma e na identificação de genótipos e cultivares em catálogos usados nos estudos de diversidade genética, homogeneidade e estabilidade como os do *Ministério da Agricultura* (Brasil, 2007) e da *União Internacional para Proteção de Novas Variedades de Plantas* (UPOV) (Jesus, 2006).

Na literatura, estão disponíveis alguns trabalhos utilizando marcadores morfológicos na cultura da batata-doce tais como o de Veasey et al. (2007). Eles utilizaram 14 características (morfoagronômicas) e caracterizaram 74 acessos coletados na região do Vale

do Ribeira. Chávez et al. (2006) avaliaram 52 variedades com base em 18 descritores morfológicos na Colômbia.

Ritschel e Huamán (2002) avaliaram 324 acessos de batata-doce, coletados em todas as regiões brasileiras. Utilizaram 25 descritores morfológicos, onde identificaram 256 tipos morfológicos, com 33 grupos de acessos morfologicamente duplicados. Em estudo semelhante, Moulin et al., (2012) relatam que a caracterização morfológica foi eficiente para detectar a variabilidade genética entre 46 acessos de batata-doce no norte do Rio de Janeiro.

Dentre os marcadores utilizados, Neiva et al. (2011) destacam que o formato geral da folha, o número de lóbulos da folha, a pigmentação das nervuras e a pubescência no ápice das ramas estão entre as características mais contrastantes entre 65 acessos.

De acordo com Daros et al. (2002), o emprego de marcadores morfológicos tem possibilitado grandes avanços na descrição da divergência genética entre acessos. Esses autores avaliaram 14 acessos de batata-doce utilizando 20 descritores e verificaram grande variabilidade detectada por meio da avaliação da pubescência no ápice das ramas e da pigmentação das nervuras inferiores do limbo foliar.

Além desses marcadores morfológicos, são considerados importantes para a cultura da batata-doce: crescimento da rama, comprimento do entrenó, diâmetro do entrenó, cor predominante da rama, cor secundária da rama, cor da folha madura, cor da folha imatura, tamanho da folha, tipo de lóbulo da folha, formato do lóbulo central, pigmentação do pecíolo, comprimento do pecíolo, formato da raiz, defeitos na superfície da raiz, cor predominante da casca, intensidade da cor da casca, cor secundária da casca, cor predominante da polpa, cor secundária da polpa e distribuição da cor secundária da polpa.

Deste modo, marcadores morfológicos são muito úteis na detecção de genótipos divergente, principalmente por serem de fácil identificação visual e baixo custo. A caracterização de cada acesso é etapa crucial para propostas de melhoramento de plantas, devido à grande variabilidade genética da espécie de batata-doce, e principalmente a troca constante de materiais entre produtores vizinhos.

2.3. Caracterização Molecular

Marcadores moleculares são definidos como qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso ou de um segmento específico de DNA (Ferreira & Grattapaglia, 1998). Esses marcadores são características de DNA que diferenciam dois ou mais indivíduos e são herdados geneticamente (Milach, 1998).

A conservação *ex situ* realizada no banco de germoplasma tem papel importante na diversidade genética, sendo fundamental a manutenção e a correta caracterização dos acessos, a fim de garantir a disponibilidade de materiais essenciais utilizados em estudos genéticos no melhoramento de plantas (Goedert, 2007). Programas relacionados ao melhoramento genético de plantas por meio de cruzamentos artificiais necessitam primeiramente do conhecimento sobre a relação genética entre clones parentais que será selecionado como fonte de genes (Wachira et al., 1997).

A caracterização morfológica tradicional tem sido substituída pelos marcadores de DNA, pois estes podem cobrir todo o genoma, evitando o efeito ambiental e possíveis erros de identificação (Goulão & Oliveira, 2001; Borba et al., 2005).

Informações referentes à diversidade genética podem ser obtidas através de marcadores moleculares, sendo que cada marcador utilizado é referente a uma característica fenotípica distinta e independente, e a interpretação dos resultados é feita a partir da análise de bandas, de maneira que bandas comuns entre indivíduos correspondam a semelhanças genéticas e, bandas não comuns, correspondem a divergências genéticas (Ferreira & Grattapaglia, 1998).

A caracterização de genótipos por meio de marcadores de DNA detecta diferenças genético-moleculares, o que possibilita a análise de genótipos de interesse agronômico e a obtenção de informações respectivas à variabilidade existente, além de poder associar com as características fenotípicas, representando um futuro promissor para a modernização da agricultura (Fajardo et al., 2002).

Segundo Souza (2001) esses marcadores detectam o polimorfismo diretamente na molécula do DNA, sem influência do ambiente, além de ser uma técnica rápida e bastante eficaz para estudos genômicos. Essa tecnologia permite identificar e caracterizar espécies revelando diferenças mínimas existentes entre genótipos de interesse (Melo & Morais, 2011). Quando a expressão de um gene é influenciada por características ambientalmente inconstantes ou difíceis de se detectarem, tornar-se favorável a utilização de marcadores moleculares ao invés de avaliações com morfológicos (La Bonte, 2002).

Atualmente, a caracterização de cultivares, linhagens ou híbridos por meio de marcadores moleculares de DNA tem se mostrado de grande utilidade na proteção do direito do melhorista de plantas, sendo empregada como prova legal em processos jurídicos nos países em que já vigoram as leis de proteção (Borém, 2005).

Com a lei (9.456, de 25 de abril de 1997), acredita-se que o termo "*Fingerprinting*" seja também utilizado na caracterização de cultivares e assegure os direitos da propriedade

intelectual. O alto nível de resolução genética e a confiabilidade dos dados obtida por meio da análise utilizando marcadores de DNA permitem a distinção entre linhagens ou variedades com base genética estreita, o que é muito comum entre variedades comerciais (Borém, 2005).

A caracterização molecular detecta diferenças na sequência de DNA e quantifica a diversidade genética. Marcadores microssatélites ou SSR (*Simple Sequence Repeats*) são pequenos fragmentos de DNA que detectam polimorfismo (Ferreira & Grattapaglia, 1998). Esta técnica vem substituindo rapidamente outros marcadores também baseados em PCR (*Polymerase Chain Reaction*), em vários tipos de estudos genéticos, principalmente devido ao elevado grau de polimorfismo, simplicidade da técnica, reprodutibilidade e à pequena quantidade de DNA requerida, associada ao baixo custo, e ao grande poder de resolução. As sequências de DNA que flanqueiam os microssatélites são geralmente conservadas entre os indivíduos de uma mesma espécie, o que permite a seleção de *primers* específicos que amplificam, via PCR, fragmentos contendo o DNA repetido em todos os genótipos (Borém & Caixeta, 2009).

Marcadores SSR são constituídos de pequenas sequências com um a seis nucleotídeos de comprimento, repetidas em tandem. Estes *locos* apresentam elevado grau de polimorfismo, amplificados via PCR. O alto nível de variabilidade detectada por esse tipo de marcador aumenta a resolução da genealogia do germoplasma avaliada em estudos de diversidade genética, reduzindo o número de marcadores necessários para distinção entre genótipos de interesse (Borém & Caixeta, 2009). Entretanto, esta técnica de microssatélite exige grande quantidade de trabalho, pessoal especializado e equipamentos com alta tecnologia para o desenvolvimento prévio de marcadores (Ferreira & Grattapaglia, 1996).

Veasey et al. (2008) caracterizaram 78 acessos de batata-doce por meio de oito marcadores SSR no Vale do Ribeira-SP. De forma similar, Koussao et al. (2014) discriminaram 112 acessos de batata-doce utilizando 30 marcadores microssatélites, em Burkina Faso. Em ambos trabalhos, os autores observaram alta diversidade genética entre os acessos.

Desta forma, os marcadores moleculares podem complementar as informações obtidas por meio dos marcadores morfológicos, contribuindo para aumentar a eficiência dos recursos genéticos de coleta, caracterização, multiplicação e conservação do germoplasma, de modo a analisar a diversidade e a pureza genética da cultura da batata-doce. Isto permite o planejamento de cruzamentos e a seleção de genótipos com características desejadas durante a condução de populações segregantes em diferentes métodos.

2.4. Divergência Genética

O estudo da divergência genética entre indivíduos ou populações nas espécies vegetais têm sido amplamente utilizado em programas de melhoramento genético, por fornecerem parâmetros para a identificação de genitores que permitam maior efeito heterótico na progênie e maior probabilidade de obter indivíduos superiores em gerações segregantes (Jesus, 2006).

A determinação da divergência genética pode ser realizada através da estatística multivariada, uma vez que permite múltiplas combinações de informações dentro da unidade experimental (Moreira et al., 2009).

De acordo com Fonseca et al. (2006), a técnica de análise multivariada tem sido empregada para quantificar a divergência genética, por se tratar de uma análise que permite integrar as múltiplas informações, de um conjunto de descritores, extraídos das unidades experimentais. Segundo Martinello et al. (2002), a técnica multivariada possui como vantagem em relação aos demais métodos (univariada) o estudo da importância de cada caráter avaliado sobre a variação total disponível entre os genótipos, o que possibilita a identificação das características menos discriminantes.

A escolha da técnica estatística mais adequada deve ser realizada com base em princípios como: nível de precisão desejada; facilidade de análise; e forma com que os dados foram obtidos (Cavalcante et al., 2009). O uso de técnicas de agrupamento pode classificar os genótipos em vários grupos de forma que exista homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os grupos, seguindo o critério de similaridade ou de dissimilaridade. Atualmente, existem vários métodos de agrupamento, tais como o hierárquico *Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Averages* (UPGMA), vizinho mais próximo, vizinho mais distante, Ward, entre outros, e os de otimização como por exemplo o método Tocher (Cruz et al., 2012).

Nos métodos hierárquicos, os indivíduos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido um dendrograma. O UPGMA é um método não-ponderado de agrupamento aos pares, utilizando médias aritméticas da dissimilaridade, que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo ou mínimo) entre indivíduos considerados. A distribuição dos genótipos no dendrograma por meio deste método não segue um critério de formação de grupos, sendo que o principal aspecto do UPGMA consiste nas ramificações que são obtidas (Cruz et al., 2012).

O método de agrupamento de Tocher constitui um método de agrupamento simultâneo, o qual se realiza a separação dos indivíduos de uma só vez. Esse método tem como característica formar grupos em que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo sejam inferiores as distâncias médias entre quaisquer grupos (Cruz et al., 2012).

Oliveira et al. (2000) verificaram a divergência genética entre acessos de batata-doce, oriundas de várias regiões do Brasil, utilizando duas técnicas de análise multivariada: distância generalizada de Mahalanobis e os métodos de agrupamento de Tocher e hierárquico do vizinho mais próximo, com base em 25 descritores morfológicos. Os autores observaram vasta variabilidade genética entre os acessos, sendo formado sete grupos em ambos os métodos, com boa concordância entre eles. Foram constatadas pequenas distâncias genéticas entre alguns acessos, o que indica a possibilidade da ocorrência de duplicatas entre o grupo de indivíduos analisados.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Caracterização Morfológica

O experimento foi conduzido no Setor de Olericultura, do *Campus* JK, da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), em altitude de 1400 metros e nas coordenadas 18º12'01"S e 43º34'20"W, em Diamantina-MG. O clima da região é tropical, com período seco de abril a setembro.

O solo da área experimental foi classificado como Neossolo Quartizarênico Órtico Típico (Embrapa, 2007). A correção da acidez e adubação do solo foi realizada com o auxílio da análise química do solo (Tabela 1).

Tabela 1. Análise química do solo. UFVJM, Diamantina-MG, 2014.

pH (H_2O)	**Ca^{2+}**	**Mg^{2+}**	**Al^{3+}**	**$H+Al^{3+}$**	**SB**	
	----------Cmolc.dm^{-3} ----------					
5,8	0,6	0,5	0,2	2,4	1,1	
P	**K**	**V**	**M**	**Areia**	**Silte**	**Argila**
-------mg.dm^{-3}-------		----------%---------		----------dag.kg^{-1}----------		
1,1	6,3	32	0	86	8	6

Foram analisados 60 acessos de batata-doce pertencentes ao Banco de Germoplasma UFVJM (Tabela 2). Este banco é formado por exemplares de diversas regiões do Brasil, inclusive do Vale do Jequitinhonha, além das cultivares comerciais oriundas do CNPH-Embrapa Hortaliças: Brazlândia Branca, Princesa e Coquinho.

Tabela 2. Relação dos 60 genótipos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes ao Banco de Germoplasma da UFVJM, e seu local de origem. UFVJM, Diamantina-MG, 2014.

Genótipo	**Local de origem**	**Genótipo**	**Local de origem**
Arruba	Araçuaí/MG *	UFVJM-24	Senador Mourão/MG
Braz.-Branca	Embrapa/CNPH-DF	UFVJM-25	Felício dos Santos/MG *
Cambraia	Felício dos Santos/MG *	UFVJM-26	Governador Valadares/MG
C. Vermelha	Diamantina/MG	UFVJM-27	Conselheiro Mata/MG*
Coquinho	Embrapa/CNPH-DF	UFVJM-28	Conselheiro Mata/MG*
Espanhola	Diamantina/MG *	UFVJM-29	Diamantina/MG-Batatal
Licuri	Felício dos Santos/MG *	UFVJM-30	Diamantina/MG-Batatal
Palmas	UFT/Tocantins	UFVJM-31	Diamantina/MG-Galheiros
Princesa	Embrapa/CNPH-DF	UFVJM-33	Diamantina/MG-Sopa
T Carro 1	Felício dos Santos/MG*	UFVJM-34	Diamantina/MG-Sopa
T Carro 2	Diamantina/MG	UFVJM-35	Diamantina/MG-Curralinho
UFVJM-01	São Tiago/MG	UFVJM-37	Diamantina/MG-Palha
UFVJM-02	São Tiago/MG	UFVJM-38	Governador Valadares/MG
UFVJM-03	São Tiago/MG	UFVJM-39	Rubim/MG
UFVJM-04	São Tiago/MG	UFVJM-41	Felício dos Santos/MG*
UFVJM-05	São Tiago/MG	UFVJM-42	Diamantina/MG *
UFVJM-06	São Tiago/MG	UFVJM-43	Diamantina/MG *
UFVJM-07	São Tiago/MG	UFVJM-44	UFT/Tocantins
Continua...			
Continuação.			
UFVJM-08	Teixeiras/MG	UFVJM-45	UFT/Tocantins
UFVJM-09	Governador Valadares/MG	UFVJM-46	UFT/Tocantins
UFVJM-10	Diamantina/MG	UFVJM-48	UFT/Tocantins
UFVJM-13	Felício dos Santos/MG *	UFVJM-49	UFT/Tocantins
UFVJM-14	Felício dos Santos/MG *	UFVJM-50	UFT/Tocantins
UFVJM-16	Felício dos Santos/MG *	UFVJM-51	UFT/Tocantins
UFVJM-17	Diamantina/MG	UFVJM-52	UFT/Tocantins
UFVJM-19	Gouveia/MG	UFVJM-54	UFT/Tocantins
UFVJM-20	Felício dos Santos/MG *	UFVJM-55	UFT/Tocantins
UFVJM-21	Datas/MG *	UFVJM-56	UFT/Tocantins
UFVJM-22	Datas/MG *	UFVJM-57	UFT/Tocantins
UFVJM-23	Senador Mourão/MG*	UFVJM-58	UFT/Tocantins

* Municípios pertencentes ao Vale do Jequitinhonha

Em casa de vegetação, ramas de batata-doce contendo entre três e cinco gemas foram plantadas em bandejas contendo substrato comercial. Essas se desenvolveram por 35 dias sob cuidados recomendados. Após este período, mudas contendo oito nós foram transplantadas para campo, com enterrio de quatro nós em área previamente preparada. O plantio das mudas de batata-doce foi realizado em 18/12/2012.

No campo, o preparo da área consistiu de uma aração e uma gradagem, após as quais se realizou a incorporação de adubos (20, 90 e 90 kg ha^{-1} de N, P_2O_5 e K_2O, respectivamente). Posteriormente, houve o sulcamento para formação de leiras com alturas entre 30 cm e 40 cm. As parcelas constaram de uma fileira de 2,4 m de comprimento, com espaçamento de 1,0 metro entre as linhas de plantio e 0,3 metros entre plantas, totalizando oito plantas por parcela.

O manejo da cultura foi realizado de acordo com recomendações de Bernardo et al. (2008) e Filgueira (2008), além disso, foi realizada adubação de cobertura (45 kg ha^{-1} de N e de K_2O) dividida aos 30 e 60 dias após o plantio.

As avaliações das características morfológicas da parte aérea (ramas e folhas) foram realizadas aos 60 e 90 dias após o plantio das ramas, para a característica comprimento das ramas e para as demais características avaliadas, respectivamente. As avaliações referentes às características morfológicas de raízes foram realizadas após a colheita manual, cerca de 150 dias após o plantio das ramas, de acordo com *International Board for Plant Genetic Resources* (IBPGR), elaborado por Huamán (1991) (Tabela 3).

Tabela 3. Escalas de notas referentes a cada descritor morfológico usado na caracterização de 60 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*), de acordo com IBPGR, elaborado por Huamán (1991). UFVJM, Diamantina-MG, 2014.

CARACTERÍSTICAS	PARTE AÉREA
1. Cor predominante da rama	
1-Verde; 3-verde com poucas manchas roxas; 4-verde com muitas manchas roxas; 5-verde com muitas manchas roxas escuras; 6-predominantemente roxo; 7-predominantemente roxo escuro; 8-completamente roxo; 9-completamente roxo escuro.	
2. Cor secundária da rama	
0-Ausente; 1-base verde; 2-ápice verde; 3-nós verdes; 4-base avermelhada; 5-ápice avermelhado; 6-nós avermelhado; 7-outras.	
3. Pubescência no ápice da rama	
0-Ausência de pilosidade; 3- pilosidade rala; 5- moderada; 7- densa; 9- muito densa.	
4. Comprimento da rama principal	
3-Ereta (<75 cm); 5-semi-ereta (75-150 cm); 7- dispersa (150-250 cm); 9-extremamente dispersa	

(>250 cm).

5. Tipos de lóbulos da folha

0-Ausência de lóbulos; 1-lóbulos muito superficiais; 3-lóbulos superficiais; 5-moderados; 7-profundos; 9-muito profundos.

6. Número de lóbulos da folha

0- Ausência de lóbulos- folha é redonda e lisa; 1-ausência de lóbulos laterais; 3-com tres lóbulos; 5-com cinco lóbulos; 7-com sete lóbulos; 9-com nove lóbulos.

7. Formato do lóbulo central

0-Ausente; 1-dentado; 2-triangular; 3-semi-circular; 4-semi-elíptico; 5-elíptico; 6-lanceolado; 7-oblongo-lanceolado; 8-linear largo; 9-linear estreito.

8. Pigmentação das nervuras

1-Amarelo; 2-verde; 3-manchas roxas na base da nervura principal; 4-manchas roxas em várias nervuras; 5-nervura principal predominantemente roxa; 6-nervura principal totalmente roxa; 7-todas as nervuras parcialmente roxas; 8-todas as nervuras totalmente roxas; 9- superfície inferior e nervuras totalmente roxa.

9. Comprimento do pecíolo

1-Muito curto (<10 cm); 3-curto (10-20 cm); 5-intermediário (21-30 cm); 7-longo (31-40 cm); 9-muito longo (>40 cm).

10. Pigmentação do pecíolo

1-Verde; 2-verde com roxo na base; 3-verde com roxo na inserção da folha; 4-verde com roxo em ambas as extremidades; 5-verde com manchas roxas em todo pecíolo; 6-verde com listras roxas; 7-roxo com verde na inserção da folha; 8-alguns pecíolos roxos e outros verdes; 9-completamente ou quase roxo.

11. Cor da folha madura

1-Amarelo esverdeada; 2-verde; 3-verde com bordas roxa; 4-verde acinzentado; 5-verde com nervuras roxas; 6-roxo suave; 7-predominantemente roxo; 8-verde na superfície superior e roxo na inferior; 9-roxo em ambas as superfícies.

Continua...

Continuação.

12. Cor da folha imatura

1-Amarelo esverdeada; 2-verde; 3-verde com bordas roxa; 4-verde acinzentado; 5-verde com nervuras roxas; 6-roxo suave; 7-predominantemente roxo; 8-verde na superfície superior e roxo na inferior; 9-roxo em ambas as superfícies.

13. Tamanho da folha madura

3-Pequena (<8 cm); 5-mediana (8-15 cm); 7-grande (16-25 cm); 9-muito grande (>25 cm).

14. Formato geral da folha madura

1-Redonda; 2-reniforme; 3-cordiforme; 4-triangular; 5-lanceolada; 6-lobulada; 7-quase dividida.

15. Diâmetro do entrenó

1-Muito fino (<4mm); 3-fino (4-6mm); 5-intermediário (7-9mm); 7-grosso (10-12mm); 9-muito grosso (>12mm).

16. Comprimento do entrenó

1-Muito curto (<3 cm); 3-curto (3-5 cm); 5-intermediário (6-9 cm); 7-longo (10-12 cm); 9-muito

longo (>12 cm).

PARTE RADICULAR
17. Defeitos na superfície da raiz 0-Ausente; 1-pele de jacaré; 2-veias proeminentes; 3-constrições horizontais rasas; 4-constrições horizontais profundas; 5- fendas longitudinais rasas; 6- fendas longitudinais profundas; 7-constrições e rachaduras profundas; 8-outros.
18. Formato das raízes 1-Redondo; 2-redondo-elíptico; 3-elíptico; 4-oval; 5-oboval; 6-oblonga; 7-oblonga longa; 8-longa elíptica; 9-longa irregular.
19. Cor predominante da casca da raiz 1-Branco; 2-creme; 3-amarelo; 4-alaranjado; 5- marrom alaranjado; 6-rosado; 7-vermelho; 8-roxo avermelhado; 9-roxo escuro.
20. Intensidade da cor da casca da raiz 1-Pálido; 2-intermediário; 3-escuro.
21. Cor secundária da casca da raiz 0-Ausente; 1-branco; 2-creme; 3-amarelo; 4-alaranjado; 5- marrom alaranjado; 6-rosado; 7-vermelho; 8-roxo avermelhado; 9-roxo escuro.
22. Cor predominante da polpa 1-Branco; 2-creme claro; 3-creme escuro; 4-amarelo pálido; 5-amarelo escuro; 6-alaranjado claro; 7- marrom alaranjado; 8-laranja escuro; 9-fortemente arroxeado
23. Cor secundária da polpa 0-Ausente; 1-branco; 2-creme; 3-amarelo; 4-marrom alaranjado; 5-rosado; 6-vermelho; 7-roxo avermelhado; 8-roxo; 9-roxo escuro.
24. Distribuição da cor secundária da polpa 0-Ausente; 1-anel próximo da casca; 2-anel largo próximo da casca; 3-manchas esparsas concentradas; 4-anel delgado na polpa; 5-anel largo na polpa; 6-anel e outras manchas na polpa; 7-manchas na secção longitudinal; 8-manchas cobrindo quase toda a superfície; 9-manchas cobrindo toda a polpa.

3.2. Caracterização Molecular

3.2.1. Extração de DNA

O experimento foi realizado no Laboratório de Genética e Biotecnologia Florestal (LGBF), do Departamento de Engenharia Florestal (UFVJM), *Campus* JK. Foram analisados os mesmos 60 acessos de batata-doce do banco de germoplasma da UFVJM.

A extração do material genético (DNA) foi realizada de acordo com o protocolo proposto por Doyle & Doyle (1987), com algumas modificações. Folhas jovens (2 folhas) de batata-doce foram coletadas, identificadas e acondicionadas em caixas térmicas com gelo, e transportadas ao LGBF. Posteriormente, aproximadamente 250 mg do tecido vegetal foram

maceradas em cadinhos de porcelana sob congelamento em nitrogênio líquido até se transformar em um pó fino. O macerado foi transferido para microtubos de 1,5 ml, devidamente identificado, e adicionado 700 µl de tampão de extração pré-aquecido 2x CTAB (CTAB 2%, 4 ml de EDTA 0,5M pH 8,0, 10 ml de Tris-HCl 1 M pH 8,0, 8,12 g de NaCl, Polivinilpirrolidona (PVP) 1%, e água Milli-Q para 100 ml), contendo β-mercaptoetanol 0,2%, adicionado no momento de uso. Após breve homogeneização em um agitador automático, as amostras foram incubadas em banho-maria a 65ºC durante 30 minutos. A cada 10 minutos os tubos foram invertidos manualmente para homogeneização. Após atingir a temperatura ambiente, 600 µl de clorofórmio:álcool isoamílico (24:1) foram adicionados às amostras, homogeneizadas e submetidas à centrifugação a 12.000 rpm por 5 minutos. Logo após, 540 µl do sobrenadante foram transferidos, cuidadosamente, (sem impurezas ou parte orgânica) para um novo tubo de 1,5 ml, acrescido de 50 µl de CTAB 10% - NaCl 0,7 M (10,0 g de CTAB, 4,1 g de NaCl e água Milli-Q para 100 ml) previamente aquecido a 65º C e 500 µl de clorofórmio:álcool isoamílico (24:1). As amostras foram homogeneizadas e submetidas a uma outra centrifugação, por 5 minutos a 8100 rpm. O sobrenadante (500 µl) foi transferido para um terceiro conjunto de tubos de 1,5 ml contendo 500 µl de solução CTAB (CTAB 1% (p/v), 5,0 ml de Tris-HCl 1 M pH 8,0, 0,2 ml de EDTA 0,5 M pH 8 e água Milli-Q para 100ml) homogeneizado (agitador automático em velocidade média-baixa) e mantido em banho-maria a 65ºC durante 30 minutos.

Após este período, o material foi centrifugado durante 30 minutos a 12.000 rpm, para precipitação dos ácidos nucleicos. Descartado o sobrenadante, foram adicionados 500 µl da solução Tampão TE saturado com NaCl (1 ml de Tris-HCl 1 M pH 8,0, 0,2 ml de EDTA 0,5 M pH 8,0, 5,844 g de NaCl e água Milli-Q para 100ml) em cada tubo e incubado em banho-maria a 65ºC por 30 minutos. Em seguida, foram adicionados 300 µl de isopropanol (-20ºC), homogeneizados e mantidos por um período mínimo de 30 minutos em congelador (-20ºC). As amostras foram centrifugadas a 12.000 rpm por 5 minutos para a precipitação dos ácidos nucléicos. O sobrenadante foi descartado e o pélete recebeu 1000 µl de etanol 70%. As amostras foram centrifugadas a 12.000 rpm durante 5 minutos e, logo depois, o sobrenadante foi descartado e repetiu-se o passo por mais uma vez. Uma terceira lavagem contendo 500 µl de etanol 95% foi realizada para completa desidratação do material genético. Por fim, após a remoção do sobrenadante, o pélete foi seco a vácuo durante 20 minutos e ressuspendido em 50 µl de solução tampão TE 10:0,1 (500 µl Tris-HCL 1 M pH 8,0, 20 µl EDTA 0,5 M pH 8,0, e água Milli-Q para 50 ml) contendo 10 $mg.ml^{-1}$ da enzima RNAse para eliminação da

contaminação com RNA, possivelmente presente nas amostras. Após incubadas em banho-maria a 37°C durante 30 minutos, as amostras foram armazenadas à -20°C.

A quantificação do DNA de cada amostra foi realizada por meio de eletroforese em gel de agarose 0,8%, corados com brometo de etídeo, utilizando-se tampão de corrida TAE 1x [20 ml de TAE 50X (242,0 g de Tris base, 51,1 g ácido acético glacial, 100 ml EDTA 0,5 M pH 8,0, e água Milli-Q para 1000 ml) e 980 ml de água destilada], em cuba horizontal, e uma voltagem constante de 100 V, durante 90 minutos. Em cada canaleta do gel foram aplicados 5 µl da amostra de DNA e 1,5 µl de tampão de carregamento (glicerol 50% (p/v), 0,7 ml EDTA 0,5 M pH 8,0, azul de bromofenol 0,25% (p/v), e água Milli-Qpara 10 ml). Um padrão de tamanho e massa (1 kb DNA Ladder BioLabs) foi utilizado junto às amostras. As bandas foram visualizadas sob luz ultravioleta e a concentração das bandas determinada pelo Programa Loccus Biotecnologia- *LPixImage*.

3.2.2. Amplificação do material genético por meio da PCR

As reações de PCR foram realizadas de acordo com o protocolo de Williams et al. (1990), com algumas modificações. A concentração final da reação foi de 13,0 µl, contendo 1,0 µl de DNA genômico; 0,5 µl de cada oligonucleotídeo iniciador (direto e reverso) (Tabela 4); 2,5 mM de cada um dos dNTPs (dATP, dCTP,dGTP e dTTP); 1,0 µl de $MgCl_2$ (50mM); 1,3 µl de Tampão (10X) que acompanha a enzima; 8,0 µl de água Milli-Qe 0,2 µl da enzima *Taq* DNA polimerase (5,0 $U.\mu l^{-1}$). As reações foram preparadas em tubos de 0,2 ml, nos quais 1,0 µl do DNA foi inserido no fundo e, em seguida, foram adicionados 12,0 µl da mistura descrita anteriormente, contendo os componentes da reação. Para evitar a evaporação durante o ciclo da PCR, foram adicionados 10,0 µl de óleo mineral.

Para escolha dos oligonucleotídeos iniciadores foi realizada uma triagem com 32 pares de oligonucleotídeos, baseados nos trabalhos de Buteler et al. (1999), Jarret e Bowen (1994) e Hu et al. (2004). Sendo escolhidos dez acessos de batata-doce com características morfológicas divergentes. Destes iniciadores, foram selecionados onze pares de *primers* (Tabela 5) com base em padrões de bandas com boa amplificação, alta resolução, polimorfismo e repetibilidade. As condições de pareamento foram otimizadas para 50ºC, temperatura mais adequada para amplificação de todos os oligonucleotídeos selecionados.

As amplificações por PCR foram realizadas em termociclador Eppendorf modelo Mastercycler gradiente, sob as seguintes condições: 3 minutos a 94ºC, seguido por 40 ciclos

de 45 segundos a 94°C, 30 segundos para a temperatura do iniciador otimizada para 50ºC, 1 minuto a 72ºC; em seguida 7 minutos a 72ºC para extensão final e infinito a 4ºC.

Os produtos resultantes da amplificação foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida 6%, em tampão de corrida TBE 1x [100 ml de TBE 10X (108,0 g Tris base, 55 g de ácido bórico, 40 ml de EDTA 0,5 M pH 8,0, e água Milli-Qpara 1000 ml) e 900 ml de água destilada] sob uma voltagem constante de 80 V durante 4 horas. Para o preparo do gel, foram utilizados 35 ml de solução de 6% ureia 6M, 700 µl de persulfato de amônio 10% e 70 µl de *tetramethylethylenediamine* (TEMED). Essa solução foi homogeneizada e aplicada aos pares de placas de vidro (20 x 20 cm) com o auxílio de uma seringa plástica descartável. As placas contendo a solução foram colocadas na cuba vertical e mantidas em repouso por 90 minutos para a completa polimerização do gel. Em cada canaleta do gel foram aplicados 7 µl da amostra de DNA amplificada via PCR e 2 µl de tampão de carregamento (glicerol 30% (p/v), azul de bromofenol 0,25% (p/v), xileno cianol FF 0,25% (p/v), e água Milli-Q para 10 ml). Um marcador de tamanho (50 pb Ladder Biolabs) foi utilizado como padrão ao lado das amostras no gel.

Os fragmentos amplificados foram detectados por meio de coloração com nitrato de prata (Bassam et al., 1991). Os géis foram fotodocumentados com auxílio do Programa Loccus biotecnologia – *LpixImage* (Apêndice A).

3.3. Análise da Divergência Genética

Para os dados multicategóricos foi obtida uma matriz de dissimilaridade baseada no coeficiente de coincidência simples.

Para os dados moleculares como a batata-doce é uma espécie hexaploide (Ozias-Akins & Jarret, 1994) e, portanto, produz muitos padrões de bandas de diferentes tamanhos. Neste trabalho, os padrões de bandas fenotipicamente foram marcados quanto à presença ou ausência. Mediante a interpretação dos géis de poliacrilamida, os dados moleculares foram tabulados conforme presença (1) ou ausência (0) de cada fragmento de DNA amplificado para serem usados no estudo de diversidade genética. Com base nesse procedimento, uma matriz 0 e 1 foi produzida.

A partir da matriz 0 e 1, a matriz de dissimilaridade baseada no coeficiente de similaridade de Jaccard (Jaccard, 1901) foi calculada utilizando o programa estatístico R (Core Team, 2014). Esse coeficiente compara o número de presenças de bandas comuns e o número total de bandas envolvidas, excluindo o número de ausências conjuntas (Meyer, 2002), em que valores mais próximos de 0 indicam indivíduos aparentados e valores mais próximos de 1 indicam indivíduos menos aparentados. Este coeficiente é calculado pela expressão:

$D_{ij} = 1 - S_{ij}$

Onde:

$$S_{ij} = \frac{a}{a+b+c}$$

a = número de bandas presentes nos acessos i, j;
b = número de bandas presentes no acesso i e ausentes no acesso j;
c = número de bandas presentes no acesso j e ausentes no acesso i.

Para a obtenção do dendrograma recorreu-se ao método de agrupamento hierárquico UPGMA com a função *hclust*, a partir dos dados gerados pelos multicategóricos, moleculares e a combinação destes. Segundo Cruz et al. (2012), o método UPGMA tem por objetivo verificar o grau de similaridade entre genitores, genitores e grupos similares, ou entre grupos divergentes. A distribuição dos indivíduos no dendrograma utilizando este método não segue um critério de formação de grupos, sendo que o principal aspecto do UPGMA consiste nas ramificações que são obtidas. Os indivíduos são agrupados aos pares, utilizando-se médias aritméticas da dissimilaridade. O dendrograma prioriza os genótipos com maior similaridade, e as distâncias entre um indivíduo e um grupo formado pelos indivíduos i e j são calculadas pela expressão:

$$d(ij)k = \text{média } \{dik + djk\} = \frac{(dik+djk)}{2}$$

d(ij)k = distância média entre o grupo ij e o indivíduo k;

dik = distância entre os indivíduos i e k;

djk = distância entre os indivíduos j e k.

Também foi realizado um agrupamento de Tocher para cada uma das matrizes por meio da função *tocher* do pacote *biotools*. Essa análise de agrupamento permite ao pesquisador formar grupos em que os valores das distâncias intragrupos sejam inferiores a quaisquer distâncias intergrupos (Cruz et al., 2012).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na tabela 4 estão apresentadas as notas dos 24 descritores morfológicos. Observou-se variabilidade para os 60 acessos de batata-doce do banco de germoplasma da UFVJM, representados por um alto número de categorias fenotípicas com alta porcentagem de indivíduos em cada categoria.

A cor predominante da rama, para a maior parte dos acessos foi a verde (66,7%), sendo que todas as outras cores avaliadas foram identificadas, porém em um menor número de exemplares (Tabela 4). Já para cor secundária da rama, a maioria dos acessos (76,7%) também se encontra dentro do mesmo descritor (ausente), não ocorrendo para os caracteres nós verdes (Tabela 4). Similarmente, Fabri et al. (2009) avaliando acessos de batata-doce em Piracicaba constataram coloração predominante da rama verde para a maior parte (50%) dos acessos avaliados e ausência de coloração secundária para 51% dos acessos avaliados. Daros et al. (2002), observaram que a cor predominante e secundária das ramas de batata-doce foram uma das características que apresentaram maior variação entre os acessos de batata-doce avaliados.

Para a característica pubescência do ápice da rama, apenas o acesso Palmas apresentou pilosidade rala, os demais acessos apresentaram ausência de pilosidade (Tabela 4). Quanto ao comprimento da rama principal, houve predominância de 66,7% dos acessos com tipo de haste ereta, seguido por 23,3% com hastes semi-eretas e 10% haste dispersa (Tabela 4). Resultados semelhantes foram obtidos por Ritschel e Huamán (2002) e Augustin et al. (2000), que caracterizaram 73,08% e 90% dos acessos de batata-doce como sendo de comprimento ereto, respectivamente.

Para o tipo de lóbulo da folha, 45% dos acessos apresentaram lóbulos muito superficiais para 45% dos acessos, seguido por 18,33% de lóbulos profundos, 15% de lóbulos moderados, ausência de lóbulos e lóbulos superficiais, ambos com 10% dos acessos avaliados. Apenas o acesso Princesa apresentou lóbulos muito profundo (Tabela 4). Veasey et

al. (2007) encontraram resultados similares, classificando 40% dos acessos com lóbulos muito superficiais.

Quanto ao número de lóbulos da folha foi classificada com cinco lóbulos para 50% dos acessos avaliados, representando a maior expressão nessa característica, seguido de 28,3% de ausência de lóbulos laterais (Tabela 4). Moulin et al. (2012) caracterizaram 39% dos acessos de batata-doce com cinco lóbulos.

Para o formato do lóbulo central foi caracterizado como formato dentado para 26,7% dos acessos, seguido por 25% triangular, 21,7% semi-elíptico, e lanceolado 16,7%, não havendo expressão para os demais caracteres avaliados (Tabela 4). De forma similar, Daros et al. (2002), Chávez et al. (2006) e Moulin et al. (2012) observaram uma enorme diversidade para o formato do lóbulo central. No entanto, resultados diferentes foram encontrados por Cavalcante (2008), que classificou o formato do lóbulo central dos acessos de batata-doce em apenas duas categorias: semi-elíptico (63,7%) e triangular (36,3%).

A pigmentação das nervuras foi classificada com manchas roxas na base da nervura principal para 23,3% dos acessos avaliados, constatando-se ainda 20% com todas as nervuras totalmente roxas, 18,3% com todas as nervuras parcialmente roxas, não ocorrendo para os caracteres amarelo e superfície inferior e nervuras totalmente roxa (Tabela 4). Daros et al. (2002) observaram que a pigmentação das nervuras foi uma das características com maior diversidade, o que possibilitou boa distinção entre os acessos estudados, revelando-se uma boa indicadora de variabilidade presente, com a vantagem de ser de fácil classificação, de forma similar ao encontrado no presente trabalho.

Para a pigmentação do pecíolo constatou-se grande diversidade de cores entre os acessos avaliados: 33,3% desses apresentaram-se com coloração verde com roxo na inserção da folha, seguido por 30% pela cor verde, 15% coloração verde com roxo em ambas as extremidades, não ocorrendo para os caracteres verde com listras roxas e roxo com verde na inserção da folha. O acesso UFVJM-58 foi o mais divergente para esta característica, sendo o único que apresentou coloração do pecíolo verde com manchas roxas em todo pecíolo (Tabela 4). Daros et al. (2002), Veasey et al. (2007) e Moulin et al. (2012) também observaram uma grande diversidade de cores do pecíolo, detectando uma ampla heterogeneidade para esta característica.

Para o comprimento do pecíolo foram observadas apenas três categorias: 51,7% dos acessos de tamanho intermediário, seguidos por 43,3% de comprimento curto, e 5,0% de comprimento longo (Tabela 4). Fabri et al. (2009) caracterizaram o comprimento do pecíolo como intermediário para 41% dos acessos avaliados.

Para a característica cor da folha madura, houve grande expressão para a cor verde (90%), ocorrendo também alguns acessos com folhas verdes com nervuras roxas (6,7%). Os clones UFVJM-21 e UFVJM-34 foram os mais divergentes apresentando coloração da folha madura predominantemente roxa e amarelo-esverdeado, respectivamente, não havendo expressão para as demais categorias de cores avaliadas (Tabela 4). Augustin et al. (2000), igualmente ao encontrado neste trabalho, classificaram 90% dos acessos para coloração verde da folha madura. Fabri et al. (2009) e Moulin et al. (2012) também constataram a coloração da folha madura verde para a maior parte dos acessos estudados. Daros et al. (2002) também observaram menor variação para a esta característica. Já para cor da folha imatura, observou-se que 38,3% dos acessos apresentaram coloração amarelo esverdeada, 26,7% coloração verde, 18,3% cor verde com nervuras roxas, não ocorrendo para os caracteres cor verde acinzentado e roxo em ambas as superfícies (Tabela 4). Segundo Daros et al. (2002), ao se comparar a cor da folha madura com a cor da folha imatura, que a última se destacou pela maior variabilidade entre os acessos estudados, tornando-se de maior utilidade na discriminação genotípica.

Foram observadas somente duas categorias fenotípicas para tamanho da folha madura: mediana (93,3%) para a grande maioria dos acessos e grande (6,7%) (Tabela 4). Daros et al. (2002) de forma similar, caracterizaram 100% dos acessos de batata-doce para tamanho das folhas mediano, assim como, Ritschel e Huamán (2002) que obtiveram uma frequência de 80,2% dos acessos para tamanho mediano. Moulin et al. (2012) também observaram duas categorias fenotípicas para tamanho da folha, mediano para 66% dos acessos, entretanto a segunda categoria foi classificada como pequena (34%).

Para o formato geral da folha madura, observou-se predominância para o formato triangular (45%), seguida de formato lobulada (33,3%), cordiforme (11,7%), não ocorrendo os caracteres redonda e reniforme (Tabela 4). Diferentemente, Cavalcante (2008), Fabri et al. (2009) e Moulin et al. (2012) classificaram o formato como lobulado para a maioria dos acessos avaliados. No entanto, Murilo (1990) observou que o formato geral das folhas foi uma das características mais importantes na distinção genotípica em acessos de batata-doce.

Quanto ao diâmetro do entrenó foram observadas apenas duas categorias: fino, para a maioria dos acessos (63,3%) e intermediário para os demais acessos (36,7%) (Tabela 4). Esse resultado colabora com os resultados obtidos por Cavalcante et al. (2008), que observaram as mesmas duas categorias para o diâmetro do entrenó, classificando como diâmetro fino também em maior expressão para 72,7% dos acessos, e intermediário 27,3% dos acessos avaliados. Entretanto, quando a multiplicação do material é realizada por meio de ramas-

semente, entrenós finos não são desejáveis, pois apresentam baixa quantidade de reservas necessárias para o desenvolvimento das raízes tuberosas, além de apresentarem menor resistência a quebra na ocasião do plantio (Cavalcante et al., 2008).

Para a característica comprimento do entrenó, ocorreu predominância do comprimento curto (65%), seguido do comprimento muito curto (26,7%) e comprimento longo (8,3%) (Tabela 4). Cavalcante et al. (2008) caracterizaram 54,5% dos acessos como comprimento muito curto e 45,5% comprimento curto.

Em relação aos defeitos na superfíce das raízes, foram constatados quatro categorias fenotípicas, com maior frequência de ausência de defeitos com 46,7% dos acessos, sendo desejáveis para a comercialização, seguidos de defeitos pele de jacaré 36,7%, defeito tipo veia proeminente e constrições horizontais superficiais, ambos com 5,2% dos acessos avaliados (Tabela 4). Moulin et al. (2012) também observaram predominância de ausência de defeitos (67,4%) e a segunda maior frequência também foi para pele de jacaré (22,2%).

O formato das raízes tuberosas é muito importante quando os objetivos visam obter batatas-doce para a alimentação humana (notas próximas de 1 seriam as ideais quando este for o objetivo). Foi constatada uma grande variabilidade no formato de raízes de batata-doce, apresentando oito variações. Foram observadas raízes com formato longa elíptica (26,7%), elíptico e redondo-elíptico (17%), que são considerados os mais desejáveis no mercado para consumo *in natura* para a alimentação humana. Enquanto, os demais clones apresentaram raízes de formato oboval (16,7%), longa irregular e oval, ambas com 15%, não ocorrendo o formato redondo (Tabela 4). Ritschel e Huamán (2002), de forma similar, encontraram oito categorias fenotípicas, com predominância dos acessos classificados com formato de raízes longa elíptico (42,5%), porém não houve expressão do formato oval. Fabri et al. (2009) também observaram formato de raízes longa elíptica para a maior parte dos acessos avaliados (38%).

A cor predominante da casca da raiz foi caracterizada como creme (51,7%), observando-se ainda as colorações rosado (23,3%), marrom alaranjado (18,3%), roxo avermelhado (5%). O clone UFVJM-06 foi o mais dissimilante de todos e apresentou coloração da casca da raíz alaranjado (Tabela 4). De forma similar, Chávez et al. (2006) e Veasey et al. (2007), encontraram predominância da coloração creme da casca da raíz.

Para a intensidade da coloração da casca da raiz foi classificada como pálida para a maioria dos acessos (66,7%), seguida de coloração intermediária (28,3%) e escura (5%) (Tabela 4). Daros et al. (2002) e Cavalcante (2008) também encontram todas as intensidades para coloração da casca da raíz, porém com maior expressão para a intensidade intermediária.

Quanto a cor secundária da casca da raiz, apenas o acesso UFVJM-56 apresentou coloração amarela como cor secundária, os demais acessos (98,3%) apresentaram ausência de cor secundária da casca da raiz (Tabela 4). Fabri et al. (2009), de forma similar, verificaram predominância da ausência desse descritor morfológico (74%).

Para a característica coloração predominante da polpa da raiz foi classificado como coloração branca (50%), seguida de coloração fortemente arroxeado (23,3%), e coloração creme claro (21,7%). O clone UFVJM-58 foi o mais dissimilante de todos e apresentou coloração da polpa marrom alaranjado (Tabela 4). Resultados diferentes foram encontrados por Chávez et al. (2006), Veasey et al. (2007) e Moulin et al. (2012) que observaram predominância da cor creme para a polpa da raiz. Já para a característica cor secundária da polpa da raiz foi ausente para 78,3% e coloração roxa para 20% dos acessos (Tabela 4). O clone T Carro 2 foi o mais distinto, e apresentou coloração secundária na polpa vermelho (Tabela 4). Similarmente, Moulin et al. (2012) classificaram como ausente a coloração predominante da polpa da raiz para 76,1% dos acessos, entretanto, a segunda maior frequência foi para a coloração amarelo para 23,9% dos acessos estudados. Chávez et al. (2006) descreveram ausência de coloração secundária da polpa da raiz para 48,6% dos acessos de batata-doce avaliados.

Quanto a distribuição da cor da polpa, 23,3% dos acessos apresentaram anel próximo da casca e 76,7% dos acessos não apresentaram a formação de anéis (Tabela 4). Resultados diferentes, foram encontrados por Veasey et al. (2007) e Fabri et al. (2009) que constataram a distribuição da cor da polpa na forma de anel próximo da casca (73%) e manchas cobrindo quase toda a superfície (53%), respectivamente.

Tabela 4. Notas dos descritores morfológicos utilizados na caracterização de 60 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*). UFVJM, Diamantina-MG, 2014.

Genótipos	**1**	**2**	**3**	**4**	**5**	**6**	**7**	**8**	**9**	**10**	**11**	**12**	**13**	**14**	**15**	**16**	**17**	**18**	**19**	**20**	**21**	**22**	**23**	**24**
Arruba	1	0	0	6	5	5	6	7	2	5	3	5	5	3	3	3	1	9	5	1	0	1	0	0
Braz.-Branca	2	0	0	3	0	1	1	8	5	6	2	5	5	3	5	7	1	4	2	1	0	1	0	0
Cambraia	3	0	0	5	7	5	6	7	2	6	4	3	5	5	3	3	0	3	2	1	0	1	0	0
C. Vermelha	9	0	0	5	7	9	6	5	2	6	9	5	5	5	3	3	1	3	2	1	0	1	0	0
Coquinha	1	0	0	6	5	5	6	7	2	1	1	5	5	5	3	3	0	4	5	1	0	2	0	0
Espanhola	1	0	0	6	5	7	6	6	2	6	3	3	5	3	1	3	0	5	2	1	0	1	0	0
Licuri	1	0	0	6	7	5	6	4	2	1	4	5	7	5	1	3	0	7	5	1	0	1	0	0
Palmas	1	0	3	4	1	1	2	3	2	2	3	5	5	3	3	5	0	7	6	2	0	2	0	0
Princesa	9	4	0	7	9	5	9	6	2	3	9	3	5	3	3	7	0	8	2	1	0	1	0	0
T Carro 1	7	5	0	5	7	5	5	7	2	1	8	3	5	3	3	7	0	8	2	1	0	1	0	0
T Carro 2	1	0	0	4	1	1	2	3	2	1	3	3	5	3	1	5	1	6	2	1	0	9	6	1
UFVJM-01	1	0	0	6	7	5	4	5	2	1	1	5	7	5	3	5	1	8	5	1	0	1	0	0

UFVJM-02	C	0	0	6	7	5	4	7	2	1	4	3	5	3	1	3	0	9	2	1	0	1	0	0
UFVJM-03	3	4	0	6	5	5	4	5	2	5	3	5	5	3	3	3	0	8	2	1	0	1	0	0
UFVJM-04	3	0	0	6	7	1	6	7	2	2	4	5	5	3	1	3	1	8	2	1	0	1	0	0
UFVJM-05	1	0	0	4	3	5	1	3	2	1	1	5	5	3	1	5	1	8	2	2	0	9	8	1
UFVJM-06	9	0	0	6	5	7	4	6	2	1	9	3	5	3	3	3	1	4	4	1	0	2	0	0
UFVJM-07	1	0	0	3	1	5	4	4	2	1	3	5	5	5	3	3	0	8	5	1	0	1	0	0
UFVJM-08	5	5	0	6	5	9	4	7	5	3	4	5	5	3	3	5	1	5	5	1	0	1	0	0
UFVJM-09	1	0	0	4	1	5	3	4	2	2	3	5	5	3	3	3	0	8	2	2	0	9	8	1
UFVJM-10	1	0	0	4	1	5	1	5	2	1	3	5	5	3	3	3	1	5	6	1	0	2	0	0
UFVJM-13	1	0	0	4	1	1	2	5	2	1	3	5	5	5	3	3	2	3	6	1	0	2	0	0
UFVJM-14	1	0	0	4	1	5	1	8	2	1	3	5	7	3	3	5	1	3	2	1	0	4	0	0
UFVJM-16	3	0	0	6	5	5	4	8	2	5	3	5	5	3	3	3	1	5	5	1	0	1	0	0
UFVJM-17	1	0	0	4	1	5	3	4	2	1	3	5	5	3	3	3	0	4	6	1	0	2	0	0
UFVJM-19	3	0	0	4	1	1	1	3	2	1	1	3	5	3	1	5	0	4	2	2	0	9	8	1
UFVJM-20	3	0	0	6	7	7	6	8	2	5	3	3	5	3	3	3	4	9	2	1	0	1	0	0
UFVJM-21	9	5	0	6	7	5	6	5	7	8	3	7	5	3	5	7	0	9	2	1	0	1	0	0
UFVJM-22	1	0	0	5	3	3	4	5	2	1	4	3	5	3	3	3	1	4	2	2	0	4	0	0
UFVJM-23	1	0	0	5	7	5	6	7	2	1	4	5	5	3	1	3	1	9	5	1	0	1	0	0
UFVJM-24	1	4	0	6	5	5	4	8	2	7	2	5	5	3	3	5	2	5	5	1	0	1	0	0
UFVJM-25	1	0	0	3	1	5	1	4	2	2	1	3	5	5	3	3	0	9	6	1	0	2	0	0
UFVJM-26	1	0	0	4	1	3	1	5	2	2	1	7	5	5	3	3	2	5	6	1	0	2	0	0
UFVJM-27	1	0	0	4	1	5	1	3	2	2	1	3	5	5	3	3	0	8	6	1	0	2	0	0

Continua...

Continuação.

UFVJM-28	1	0	0	3	1	0	1	8	2	6	4	3	5	3	5	7	0	9	2	1	0	1	0	0
UFVJM-29	1	0	0	3	1	3	2	5	2	1	2	5	5	5	3	3	0	8	6	1	0	2	0	0
UFVJM-30	1	0	0	4	0	1	1	3	2	1	1	3	5	3	3	5	3	3	2	2	0	9	0	1
UFVJM-31	1	0	0	4	0	1	1	2	2	2	1	3	5	3	3	5	0	4	2	2	0	9	8	1
UFVJM-33	1	0	0	4	1	1	2	4	2	2	1	5	5	5	3	3	0	8	6	2	0	1	0	0
UFVJM-34	1	2	0	4	1	5	2	5	1	1	3	7	5	5	3	3	0	3	5	1	0	1	0	0
UFVJM-35	1	0	0	4	1	5	2	7	2	2	3	5	5	5	3	3	0	8	6	2	0	2	0	0
UFVJM-37	1	0	0	4	1	5	2	3	2	2	1	5	5	3	3	5	0	5	2	2	0	9	8	1
UFVJM-38	1	0	0	4	1	1	2	3	2	1	2	5	5	3	1	5	0	4	2	2	0	9	8	1
UFVJM-39	1	0	0	4	1	1	1	3	2	1	1	3	5	3	3	3	1	5	2	2	0	9	8	1
UFVJM-41	4	0	0	4	0	1	2	8	2	2	3	3	5	5	5	7	2	6	2	1	0	1	0	0
UFVJM-42	1	0	0	4	1	1	2	3	2	2	1	5	5	3	3	3	0	5	2	2	0	9	8	1
UFVJM-43	1	0	0	4	1	3	1	7	2	3	1	5	5	5	3	3	4	3	6	1	0	1	0	0
UFVJM-44	1	0	0	4	1	1	2	8	2	5	3	5	5	5	5	5	0	3	2	1	0	1	0	0
UFVJM-45	1	0	0	3	1	5	3	4	2	1	3	3	5	5	1	3	1	2	6	1	0	2	0	0
UFVJM-46	1	0	0	4	1	3	1	3	2	1	3	3	5	3	1	3	1	8	2	2	0	9	8	1
UFVJM-48	3	5	0	4	1	1	1	8	2	5	8	5	5	5	1	3	0	8	2	1	0	1	0	0
UFVJM-49	1	0	0	6	3	5	2	3	2	2	1	3	5	5	3	3	1	9	6	2	0	1	0	0
UFVJM-50	6	1	0	6	3	3	4	8	2	5	9	3	5	3	3	3	1	8	8	3	0	9	8	1
UFVJM-51	1	0	0	6	3	3	2	2	2	2	1	3	5	3	1	3	3	8	6	2	0	1	0	0
UFVJM-52	4	4	0	6	5	5	2	6	2	5	4	3	5	3	1	3	1	4	2	1	0	2	0	0

UFVJM-54	1	2	0	6	7	5	5	3	2	5	1	3	5	3	3	3	1	3	2	1	0	1	0	0
UFVJM-55	8	0	0	3	1	1	4	8	5	5	9	5	7	5	1	3	3	5	8	3	0	9	8	1
UFVJM-56	1	2	0	4	1	5	4	3	2	2	1	5	5	3	3	3	3	7	5	1	3	0	0	0
UFVJM-57	9	6	0	6	3	5	4	8	5	5	9	3	5	5	3	5	0	9	8	3	0	9	8	1
UFVJM-58	5	2	0	4	0	1	1	7	2	2	5	3	5	3	1	3	1	7	2	2	0	7	0	0

1-cor predominante da rama; 2-cor secundária da rama; 3-ponta pubescência no ápice da rama; 4- formato geral da folha madura; 5-tipos de lóbulos da folha; 6-número de lóbulos da folha; 7-formato do lóbulo central; 8-pigmentação das nervuras; 9-cor da folha madura; 10-cor da folha imatura; 11-pigmentação do pecíolo; 12-comprimento do pecíolo; 13-tamanho da folha madura; 14- diâmetro do entrenó; 15-comprimento do entrenó; 16-**c**omprimento da rama principal; 17-defeitos na superfície das raíz; 18-formato das raízes; 19-cor predominante da casca da raiz; 20-intensidade da coloração da casca da raiz; 21-cor secundária da casca; 22-cor predominante da polpa; 23-cor secundária da polpa; 24-distribuição de cor na polpa.

Para a caracterização molecular dos acessos de batata-doce, primeiramente, realizou-se uma triagem com 32 oligonucleotídeos iniciadores SSR, e destes, 11 foram selecionados e avaliados (Tabela 5). Estes *primers* foram escolhidos, com base na média da quantidade de bandas geradas, por serem polimórficos e por apresentarem repetibilidade. Os demais oligonucleotídeos iniciadores testados foram descartados, pois não houve uma eficiente produção de bandas ou não se detectou polimorfismo. Foi obtido um total de 210 bandas polimórficas. O número médio de fragmentos polimórficos produzidos por cada oligonucleotídeos iniciador foi de 19. O iniciador mais polimórfico foi o IBSSR02, gerando 28 bandas, e o oligonucleotídeo iniciador menos polimórfico foi Ib-255, que amplificou 10 bandas polimórficas (Tabela 5).

Tabela 5. Lista dos pares de *primers* SSR selecionados para a amplificação do DNA de genótipos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) com suas respectivas sequências de bases e número de bandas polimórficas geradas. UFVJM, Diamantina-MG, 2014.

***Primer* (SSR)**	**Sequência (5' → 3')**	**Bandas Polimórficas**
Ib-242	F: GCGGAACGGACGAGAAAA R: ATGGCAGAGTGAAAATGGAACA	21
Ib-255	F: TGGGCATTCTCATATTTTGCT R: GCCACTCCAACAGCACATAA	10
Ib-316	F: CAAACGCACAACGCTGTC R: CGCGTCCCGCTTATTTAAC	14
Ib-318	F: AGAACGCATGGGCATTGA R: CCCACCGTGTAAGGAAATCA	22
IBSSR02	F: GTAACTGAAGTAGTTGGCGAGG R: CACTGTGGCTCAATGTAGGG	28
IBSSR14	F: CAAAACTCAGACGACCCATGATG R: CCCCGAGGTATTTATATCACACCC	26
IBSSR15	F: TGGAGCAGATGTTCCTGGAC R: GATTTGAAGCAGTTCATCC	16

IBSSR18	F: GATCTTGAATTAGCCCAC R: AGATGGATGACCGTATGC	19
IBSSR19	F: GCGAATCAAGTCTTTTGTCCAC R: GGGACTGTCCTTTGGGTATG	19
IBSSR21	F: AAACAACCAACGGGTCTTTGC R: CTCTAGGGTCGCCATAAAAATCAC	17
IBSSR27	F: GTGTTTATCACATCGTTTTCTG R: GGCTCGTACAATTTTCAAAG	18
Total		210

*F = Forward; R = Reverse

Moulin et al. (2012) trabalhando com batata-doce também realizaram uma triagem com 32 oligonucleotídeos iniciadores, e destes, 18 foram selecionados e avaliados quanto ao número de bandas geradas e ao polimorfismo verificado para estas bandas.

A diversidade morfológica e molecular foi obtida por meio da geração de várias matrizes de dissimilaridade baseado no coeficiente de coincidência simples e índices de Jaccard, respectivamente. Na Tabela 6 estão apresentados as divergências genéticas mínimas, máxima e a média dos dados multicategóricos e moleculares e análises e as correlações entre as matrizes de dissimilaridade.

A dissimilaridade genética estimada para os dados morfológicos ou multicategóricos foi obtida pelo método de coincidência simples e variou de 0,08 a 0,92, com média de 0,52 da frequência total de dissimilaridade, em que valores mais próximos de 0 indicam indivíduos com maior parentesco e valores mais próximos de 1 indicam indivíduos com menor parentesco (Tabela 6). Os genótipos mais divergentes foram os pares de acessos UFVJM-55 e Tomba Carro 1 e UFVJM-55 e UFVJM-21 com distância de 0,92, enquanto os pares de acessos UFVJM-37 e UFVJM-42 e UFVJM-25 e UFVJM-27 foram considerados os mais semelhantes entre si com distância de 0,08 e 0,12, respectivamente (Figura 1). Similarmente, Veasey et al. (2007) observaram variação de 0,12 a 1, na caracterização morfológica de plantas de batata-doce, verificando a enorme diversidade para o grupo de variedades tradicionais do Vale do Ribeira.

Para os dados moleculares, com base nos marcadores SSR, a dissimilaridade genética pelo coeficiente de Jaccard variou de 0,14 a 1 com média de 0,76 da frequência total de dissimilaridade (Tabela 6). Esses valores sugerem uma elevada diversidade genética entre os acessos de batata-doce. Por intermédio desse coeficiente verificou-se que os pares de acessos UFVJM-42 e Espanhola e UFVJM-07 e UFVJM-44, com distância igual a 1 foram os mais distantes. Por outro lado, os pares de acessos UFVJM-26 e UFVJM-27 e UFVJM-43 e

UFVJM-45 foram os mais próximos entre si, com distância de 0,14 e 0,17, respectivamente (Figura 1).

A alta diversidade genética (média de 76%) apresentada pelos coeficientes de dissimilaridade dos dados moleculares indicam que os acessos de batata-doce utilizados no trabalho atual são uma boa fonte de seleção de materiais para melhoramento dessa espécie. Veasey et al. (2008) observaram por meio do coeficiente de Jaccard, uma variação de 0,30 a 1, quando estudaram 78 acessos de batata-doce no Vale do Ribeira-SP. Favoretto et al. (2011) também constataram alta diversidade genética entre 38 acessos de batata (*Solanum tuberosum*) utilizando marcadores SSR. Esses autores observaram valores entre 0,41 a 0,93, também por meio do coeficiente de dissimilaridade de Jaccard. Alta diversidade genética baseada em SSR também foram encontrados por Soegianto et al., (2011) que verificaram a similaridade variando de 0,15 a 0,78 em acessos de batata-doce na Indonésia.

Embora existam inúmeros relatos que indicam diversidade molecular baixa, os dados no presente estudo indicam que a média da dissimilaridade molecular (0,76) foi maior do que a média da dissimilaridade obtida por meio dos dados multicategóricos (0,52).

Observou-se uma correlação baixa (r = 0,133) entre a matriz de distância genética multicategóricos e a matriz obtida por meio dos marcadores SSR (Tabela 6). De forma similar, Maric et al. (2004), trabalhando com trigo, relataram uma correlação baixa (r = 0,12) entre os dados obtidos com marcadores RAPD e 12 caracteres morfológicos.

Tabela 6. Estatísticas descritivas e correlações entre as matrizes de dissimilaridade estimada a partir de dados multicategóricos e moleculares, no estudo da divergência genética entre 60 genótipos de batata-doce (*Ipomoea batatas*). UFVJM, Diamantina-MG, 2014.

	Análise Descritiva		
Matrizes	Mínimo	Máximo	Média
$D_{multicategórico}$	0,08	0,92	0,52
$D_{molecular}$	0,14	1	0,76
	Coeficiente de Correlação		
Matrizes	$D_{multicategórico}$	$D_{molecular}$	
$D_{multicategórico}$	-	0.133	
$D_{molecular}$	0.005	-	

Correlação significativa a 1% de probabilidade pelo teste de Mantel com 1000 permutações.

A elevada variabilidade genética estimada com dados multicategóricos e moleculares (SSR), entre os 60 acessos de batata-doce do banco de germoplasma da UFVJM, pode ser observada nos dendrogramas, pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA (Figura 1).

Para os dados multicategóricos foi realizado um ponto de corte igual a dissimilaridade média (0,52), sendo este o ponto de mudança abrupta, o que proporcionou a formação de seis grupos (Figura 1).

O grupo I foi composto por três acessos (UFVJM-55, UFVJM-50, UFVJM-57) caracterizados por possuírem formato do lóbulo central semi-elíptico, pecíolo completamente ou quase roxo, cor predominante da casca da raiz roxo-avermelhado e intensidade de coloração escuro. Estes genótipos permaneceram na mesma localização geográfica (UFT-Tocantins).

O grupo II foi constituído apenas pelo acesso UFVJM-58. Esse se diferenciou dos demais por ser o único com pigmentação do pecíolo verde e manchas roxas em todo pecíolo, e coloração predominate da polpa marrom alaranjado.

O grupo III reuniu onze acessos (UFVJM-09, UFVJM-37, UFVJM-42, UFVJM-30, UFVJM-31, Tomba Carro 2, UFVJM-19, UFVJM-38, UFVJM-05, UFVJM-39, UFVJM-46), que apresentaram formato geral da folha madura triangular, diâmetro fino do entrenó, cor predominante da casca da raiz creme, cor predominante da polpa fortemente arroxeado e ausência de distribuição de cor na polpa.

O grupo IV foi formado por três acessos (UFVJM-21, Princesa, Tomba Carro 1), caracterizados por apresentarem cinco lóbulos na folha, comprimento da rama principal dispersa e ausência de defeitos na superfície das raízes.

O grupo V foi composto por cinco acessos (Brazlândia Branca, UFVJM-28, UFVJM-48, UFVJM-41, UFVJM-44), que apresentaram todas as nervuras totalmente roxa, tamanho da folha madura mediano, cor predominante da casca e da polpa creme.

O grupo VI reuniu o maior número de acessos, correspondendo 37 acessos, ou seja, 61,7% do total. Este grupo foi caracterizado por não apresentar distribuição de cor na polpa, cor secundária da casca e da polpa.

Para os dados moleculares foi realizado um ponto de corte igual a dissimilaridade média (0,76) entre todos os pares de genótipos, sendo este o ponto de mudança abrupta, o que proporcionou a formação de sete grupos (Figura 1).

Os grupos I e II foram constituídos por apenas um acesso cada. O acesso UFVJM- 42 (grupo I) apresentou 19 bandas específicas (9% do total). O acesso UFVJM- 57 (grupo II) amplificou apenas 10 bandas polimórficas específicas, o que corresponde a 4,8% do total obtido.

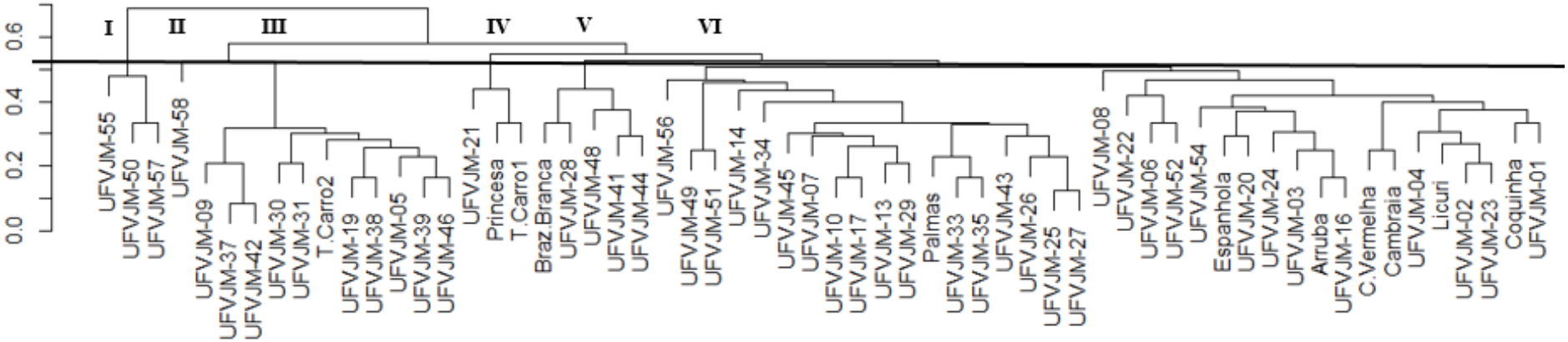
O grupo III reuniu três acessos: UFVJM-38, UFVJM-54, UFVJM-07, e constatou a presença de 8 bandas polimórficas. O grupo IV foi composto por quatro acessos: UFVJM-48,

Tomba Carro1, UFVJM-49 e UFVJM-55. Este grupo foi polimórfico para todos os oligonucleotídeos iniciadores, totalizando 20 bandas polimórficas.

O grupo V foi formado pelo maior número de acessos, totalizando 21 acessos (Arruba, UFVJM-05, UFVJM-20, Cariru Vermelha, Espanhola, Licuri, Princesa, UFVJM-01, UFVJM-03, UFVJM-16, UFVJM-23, UFVJM-24, Brazlândia Branca, UFVJM-29, UFVJM-43, UFVJM-45, Cambraia, UFVJM-37, UFVJM-25, UFVJM-26, UFVJM-27), ou seja, 35% dos acessos estudados. Foram contabilizadas 34 bandas polimórficas para a maioria dos acessos, o que perfaz 16,2% do total de bandas polimórficas. As cultivares da Embrapa (Brazlândia Branca e Princesa) ficaram compreendidas em um mesmo grupo, exceto Palmas e Coquinho.

O grupo VI foi constituído por 17 acessos (UFVJM-44, UFVJM-46, UFVJM-39, UFVJM-51, UFVJM-56, Palmas, UFVJM-33, UFVJM-10, UFVJM-17, UFVJM-06, UFVJM-09, UFVJM-19, UFVJM-31, UFVJM-58, UFVJM-50, UFVJM-08, UFVJM-35). A maioria dos acessos presentes neste grupo apresentaram 29 fragmentos polimórficos.

Dendrograma baseado nos dados multicategóricos



Dendrograma baseado nos dados moleculares

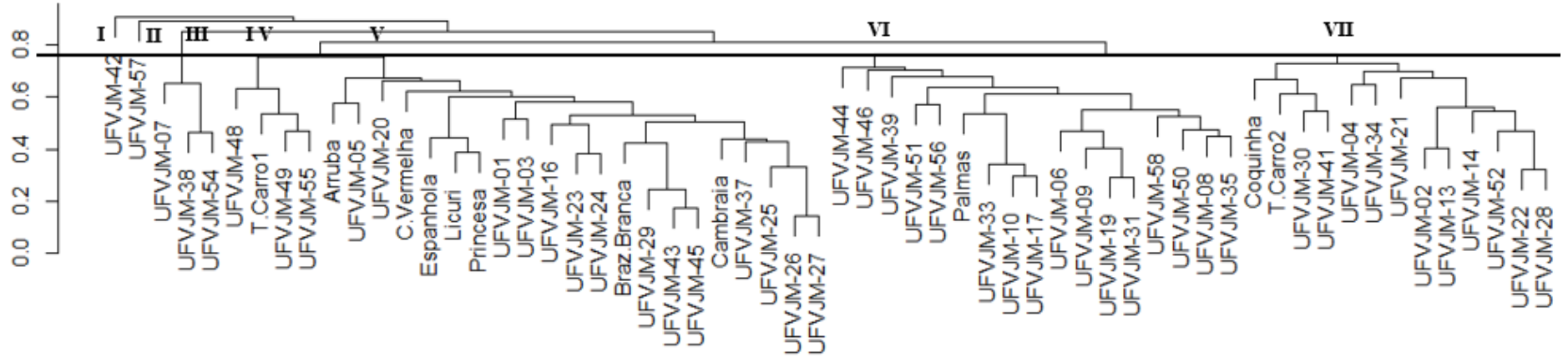


Figura 1. Dendrogramas obtidos pelo método UPGMA a partir das matrizes de dissimilaridades com base nos dados multicategóricos e moleculares entre 60 genótipos de batata-doce (*Ipomoea batatas*). UFVJM, Diamantina-MG, 2014.

O grupo VII reuniu 13 acessos (Coquinho, Tomba Carro2, UFVJM-30, UFVJM-41, UFVJM-04, UFVJM-34, UFVJM-21, UFVJM-02, UFVJM-13, UFVJM-14, UFVJM-52, UFVJM-22, UFVJM-28). Neste grupo foram computados um total de 17 fragmentos polimórficos para a maioria dos acessos em batata-doce.

A partir da matriz de dissimilaridade entre variáveis multicategóricos e moleculares no estudo da divergência genética, por meio do método de Tocher os acessos foram reunidos em treze e sete grupos, respectivamente (Tabela 7), o que demonstra a grande variabilidade genética existente entre os 60 acessos de batata-doce estudados.

Para os dados multicategóricos, as maiores diferenças foram evidenciadas no número de grupos formados em ambos os agrupamentos, onde o agrupamento de Tocher estabeleceu mais grupos (treze) em relação ao agrupamento hierárquico pelo método UPGMA (seis), embora alguns grupos como XIII e V do método de Tocher mantiveram os mesmos acessos dos grupos II e IV do UPGMA, respectivamente.

Para os dados moleculares, o método de agrupamento de Tocher e o hierárquico UPGMA concordaram quanto ao número de grupos formados (sete), entretanto, apenas os grupos VI, VII e II do método de Tocher mantiveram os mesmos acessos dos grupos I, II e III do UPGMA, respectivamente.

Tabela 7. Agrupamento de Tocher obtido a partir de matrizes de dissimilaridade estimadas com os dados multicategóricos e moleculares, no estudo da divergência genética entre 60 genótipos de batata-doce (*Ipomoea batatas*). UFVJM, Diamantina-MG, 2014.

Grupo	Nº de acessos	Agrupamento baseado nos dados multicategóricos
I	20	UFVJM-37, UFVJM-42, UFVJM-39, UFVJM-38, UFVJM-19, UFVJM-31, UFVJM-05, UFVJM-30, UFVJM-46, Tomba Carro2, UFVJM-09, Palmas, UFVJM-33, UFVJM-27, UFVJM-35, UFVJM-17, UFVJM-10, UFVJM-13, UFVJM-14, UFVJM-44
II	17	Arruba, UFVJM-16, UFVJM-03, UFVJM-20, Espanhola, UFVJM-02, UFVJM-04, UFVJM-23, Cariru Vermelha, UFVJM-54, Coquinha, Licuri, UFVJM-07, UFVJM-01, Cambraia, UFVJM-24, UFVJM-49
III	6	UFVJM-25, UFVJM-26, UFVJM-29, UFVJM-43, UFVJM-45, UFVJM-34
IV	3	Brazlândia Branca, UFVJM-28, UFVJM-41
V	3	Princesa, Tomba Carro1, UFVJM-21
VI	3	UFVJM-06, UFVJM-52, UFVJM-22
VII	2	UFVJM-50, UFVJM-57
VIII	1	UFVJM-08
IX	1	UFVJM-48
X	1	UFVJM-51
XI	1	UFVJM-55

Continua...

Continuação.

XII	1	UFVJM-56
XIII	1	UFVJM-58
Grupo	**Nº de acessos**	**Agrupamento baseado nos dados moleculares**
I	48	UFVJM-26, UFVJM-27, UFVJM-25, UFVJM-29, UFVJM-45, UFVJM-43, UFVJM-37, Brazlândia Branca, UFVJM-24, UFVJM-23, Cambraia, UFVJM-16, UFVJM-03, Princesa, Licuri, Espanhola, UFVJM-01, Cariru Vermelha, UFVJM-05, UFVJM-20, Arruba, UFVJM-48, UFVJM-55, UFVJM-49, UFVJM-08, Tomba Carro1, UFVJM-13, UFVJM-35, UFVJM-58, UFVJM-10, UFVJM-33, UFVJM-17, UFVJM-19, UFVJM-09, UFVJM-06, UFVJM-50, UFVJM-56, Palmas, UFVJM-31, UFVJM-52, UFVJM-22, UFVJM-02, UFVJM-14, UFVJM-28, UFVJM-34, Coquinha, UFVJM-51, UFVJM-39
II	3	UFVJM-38, UFVJM-54, UFVJM-07
III	3	UFVJM-30, UFVJM-41, Tomba Carro2
IV	2	UFVJM-04, UFVJM-21
V	2	UFVJM-44, UFVJM-46
VI	1	UFVJM-42
VII	1	UFVJM-57

De acordo com Azevedo et al. (2014) diferenças para a estimativa da variabilidade genética entre o método Tocher e o UPGMA, é natural, uma vez que os métodos se embasam em técnicas distintas de agrupamento. Sendo assim, segundo estes mesmos autores é importante confrontar os resultados obtidos por diferentes tipos de métodos de análise multivariada, a fim de permitir a interpretação mais concisa dos resultados, evitando possíveis erros de identificação.

O conhecimento destes grupos é de grande importância na escolha de genitores dentro dos programas de melhoramento, pois as novas populações a serem formadas, devem ser embasadas na magnitude de suas dissimilaridades e no potencial *per se* dos genitores. Segundo Bertan et al. (2006) o emprego desses clones em cruzamentos futuros, permite obter populações segregantes superiores, sendo uma informação muito útil em programas de melhoramento genético de plantas.

Os clones de batata-doce reunidos em grupos mais distantes dão um indicativo de serem dissimilares, podendo ser considerados promissores em cruzamentos artificiais. Contudo, apesar da divergência, tais genótipos devem ser associados a média elevada e variabilidade para as características avaliadas.

Tseng et al. (2002) relatam que as semelhanças ou divergências encontradas entre os acessos tem sido atribuídas ao grande tamanho do genoma, auto-hexaploidia, e heterozigosidade da batata-doce, podendo afetar o nível de polimorfismo, além disso, a

diversidade genética, presente nesta espécie, é mantida pela auto-incompatibilidade e reprodução vegetativa.

Segundo He et al. (1995) os altos níveis de polimorfismo presentes entre as plantas de batata-doce são fixos por meio da reprodução vegetativa e conservada por meio de altos níveis de fluxo gênico, devido à auto-incompatibilidade desta espécie.

Os níveis de polimorfismo apresentados neste trabalho foram altos, considerando-se que nas análises cada alelo é um indivíduo único e, como batata-doce é uma espécie de cruzamento hexaploide, cada indivíduo pode apresentar de um a seis alelos diferentes em um loco, sendo assim, colabora para um elevado nível de variabilidade genética dessa espécie.

Os resultados obtidos neste estudo revelam que o germoplasma da batata-doce proveniente do banco de germoplasma da UFVJM, apresentou diversidade genética entre os 60 acessos e a constatação que não houve acessos duplicados. De forma similar, Alves (2014) trabalhando com 73 acessos de batata-doce não observou a presença de duplicadas em Sergipe. Portanto, o poder de caracterização de cultivares de batata-doce, por meio dos 24 descritores morfológicos e 11 marcadores microssatélites, pode ser de muito válido em futuros programas de melhoramento genético de batata-doce.

5. CONCLUSÕES

Há variabilidade genética entre os genótipos de batata-doce do banco de germoplasma da UFVJM detectada pela caracterização morfológica e molecular.

A metodologia utilizada foi eficiente na caracterização dos dados multicategóricos e moleculares dos genótipos de batata-doce oriundos do banco de germoplasma da UFVJM.

Na análise de agrupamento tanto pelos dados multicategóricos como para os dados moleculares, observou-se que os genótipos não se agruparam por localização geográfica, exceto o grupo I para os dados multicategóricos pelo método hierárquico.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, R.P. **Diversidade morfológica, agronômica e potencial para produção de etanol de germoplasma de batata-doce.** Sergipe, 2014, 71p. (Dissertação de Mestrado) Universidade Federal de Sergipe- UFS.

ANDRADE JÚNIOR, V.C.; VIANA, D.J.S.; FERNANDES, J.S.C.; FIGUEIREDO, J.A.; NUNES, U.R.; NEIVA, I.P. Selection of sweet potato clones for the region Alto Vale do Jequitinhonha. **Horticultura Brasileira**, v. 27, p. 389-393, 2009.

AUGUSTIN, E.; GARCIA, A.; ROCHA, B.H.G. Caracterização de variedades de batata doce (*Ipomoea batatas*) através de descritores morfológicos e isoenzimáticos. **Ciência Rural**, v. 30, p. 49-53, 2000.

AUSTIN, D.F. The taxonomy, evolution and genetic diversity of sweet potatoes and related wild species. In: **CIP ed. Exploration, maintenance and utilization of sweet potato genetic resources.** Lima, p. 27-60, 1988.

AZEVEDO, A.M.; VIANA, D.J.S.; ANDRADE JUNIOR, V.C.; ELSAYED, A.Y.A.M.; PEDROSA, C.E.; NEIVA, I.P.; FIGUEIREDO, J.A. Influence of harvest time and cultivation sites on the productivity and quality of sweet potato. **Horticultura Brasileira**, v. 32, p. 8-14, 2014.

AZEVEDO, S.M.; MALUF, W.R.; SILVEIRA, M.A.; FREITAS, J.A. Reação de clones de batata doce aos insetos de solo. **Ciência Agrotécnica**, v. 26, n. 3, p. 545-549, 2002.

BASSAM, B.J., CAETANO-ANOLLES, G.; GRESSHOFF, P.M. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. **Analytical Biochemistry**, p. 196-80-83, 1991.

BERNARDO, S.; SOARES, A.A.; MANTOVANI, E.C. **Manual de irrigação**. Viçosa: UFV. 625p, 2008.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; SILVA, J.A.G.; BENIN, G.; VIEIRA, E.A.; SILVA, G.O.; HARTWIG, I.; VALÉRIO, I.P.; FINATTO, T. Dissimilaridade genética entre genótipos de trigo avaliados em cultivo hidropônico sob estresse por alumínio. **Bragantia,** v. 65, n. 01, p. 55-63, 2006.

BEUSELINCK, P.R.; STEINER, J.J.A. Proposed framework for identifying, quantifying and utilizing plant germplasm resources. **Field Crops Research,** v.29, p. 261-272, 1992.

BLANK, A.F.; CARVALHO FILHO, J.L.S.; SANTOS NETO, A.L.; ALVES, P.B.; ARRIGONI-BLANK, M.F.; SILVA-MANN, R.; MENDONÇA, M.C. Caracterização morfológica e agronômica de acessos de manjericão e alfavaca. **Horticultura Brasileira**, v. 22, p. 113-116, 2004.

BORBA, R. D.A.S.; GARCIA, M.S.; KOVALLESKI, A.; OLIVEIRA, A.C.; ZIMMER, P.D.; BRANCO, J.S.C.; MALONE, G. Dissimilaridade genética de linhagens de *Trichogramma* Westwood (Hymenoptera: Trichogrammatidae) através de marcadores moleculares ISSR. **Neotropical Entomology,** v.34, p.565-569, 2005.

BORÉM, A.(Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 969p. 2005.

BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. **Marcadores moleculares.** 2º ed. Editora Viçosa, Viçosa-MG, UFV, 532p, 2009.

BOVELL BENJAMIN, A.C. Sweetpotato: A review of its past, present and future role in human nutrition. **Recent Advances in Food and Nutrition Research,** n.52, p. 1-59, 2007.

BRASIL. **Ministério da Agricultura Pecuária e do Abastecimento.** 2010. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/> Acesso em: 12/02/2014.

BRITO, C.H.; OLIVEIRA, A.P.; ALVES, A.U.; DORNELES, C.S. M.; SANTOS, J.F.; NÓBREGA, J. P. R. Produtividade de batata-doce em função de doses de K2O em solo arenoso. **Horticultura Brasileira**, v. 24, n. 3, p. 320-323, 2006.

BRITO, J.F.; MOMENTE, V.G.; SILVEIRA, M.A.; SILVA, L.M.A.; NETO, J.J.D.; RIBEIRO, P.A.A.; BRITO, D.R.; SANTOS, G.F. Avaliação de clones de batata-doce nas condições de Gurupi-TO. Campus universitário de Gurupi-TO da Universidade Federal do Tocantins-UFT. **Anais...** Gurupi: UFT. 5p, 2003.

BUTELER, M.I.; JARRET, R.L.; LA BONTE, D.R. Sequence characterization of microsatellites in diploid and polyploid *Ipomoea***. Theoretical and Applied Genetics**, v. 99, p. 123-132, 1999.

CARDOSO, A.D; VIANA, A.E.S.; RAMOS, P.A.S.; MATSUMOTO, S.N.; AMARAL, C.L.F.; SEDIYAMA, T.; MORAIS, O.M. Avaliação de clones de batata-doce em Vitória da Conquista. **Horticultura Brasileira**. v. 23, n. 04, p. 911-914, 2005.

CARVALHO, S.I.C.; BIANCHETTI, L.B.; BUSTAMANTE, P.G.; SILVA, D.B. **Catálogo de germoplasma de pimentas e pimentões (*Capsicum spp*.) da Embrapa Hortaliças**. Documentos n. 49, Brasília: Embrapa Hortaliças, 49p, 2003.

CAVALCANTE, M. **Caracterização morfológica, desempenho produtivo e divergência genética de genótipos de batata-doce**. Alagoas, 2008, 61p. (Dissertação de Mestrado). Universidade Federal de Alagoas- UFAL.

CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P.V.; PAIXÃO, S.L.; COSTA, J.G.; PEREIRA, R.G.; MADALENA, J.A.S. Potenciais produtivo e genético de clones de batata-doce. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 31, n. 3, p. 421-426, 2009.

CHANG, W.H.; CHEN, C.M.; HU, S.P.; KAN, N.W.; CHIU, C.C.; LIU, J.F. Effect of purple sweet potato leaf consumption on the modulation of the antioxidative status in basketball players during training. **Asia Pacific Journal of Clinical Nutrition,** v.16, p.455-461, 2007.

CHÁVEZ, R.; GALLO; P.; ROSSEL; G.; REYNOSO; D.; LEVA; H.; VERA; N.; Caracterizaión morfológica y molecular de genótipos mejorados de camote (*Ipomoea batatas* L.) para ecosistemas Árido-Salino-Bórico. **Revista Ciencia y Desarrollo**, México, v. 8, p. 84–115, 2006.

CIP - Centro Internacional De La Papa. **Facts and figures about sweet potato.** 2010. Disponível em: <http//:www.cipotato.org> Acesso em 06/05/2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J; CARNEIRO, P. C. S**. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa-MG: UFV. V.4, 514p, 2012.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística. Versão Windows**.Viçosa, UFV, 2007.

DAROS, M.; AMARALJR, A.T.; PEREIRA, T.N.S.; LEAL, N.R.; FREITAS, S.P.; SEDIYAMA, T. Caracterização morfológica de acessos de batata doce. **Horticultura Brasileira**, v.20, n.1, p.43-47, 2002.

DECROOCQ, V.; FAVÉ, M.; HAGEN, L.; BORDENAVE, L.; DECROOCQ, S. Development and transferability of apricot and grape EST microsatellite markers across taxa. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 106, p. 912-922, 2003.

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochemical Bulletin**, v. 19, p. 11-15, 1987.

EMBRAPA-Centro Nacional de Pesquisa do Solo. 2007, 20 de setembro. **Embrapa Solos.** Rio de Janeiro. 12p. (Embrapa Solos. Documentos, 22). Disponível em: <http://www.cnps.embrapa.br/publicacoes>Acesso em 21/10/2013.

FABRI, E. G. **Diversidade genética entre acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* L. Lam.) avaliada através de marcadores microssatélites e descritores morfoagronômicos.**

Piracicaba, 2009, 172p. (Tese de Doutorado) Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - ESALQ.

FAJARDO, D.S.; LABONTE, D.R.; JARRET, R.L. Identifying and selecting for genetic diversity in Papua New Guinea sweet potato *Ipomoea batatas* (L.) Lam. Germplasm collected as botanical seed. Genetic Resources and Crop Evolution, **Dordrecht**, v. 49, p. 463-470, 2002.

FAO - Food and agriculture organization of the united nations. **Sistema de dados agrícolas atualizados**. 2010. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site> Acesso em: 22/05/2014.

FAVORETTO, P.; VEASEY, E. A.; MELO, P. C, T. Molecular characterization of potato cultivars using SSR markers. **Horticultura Brasileira,** v. 29, p. 542-547, 2011.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética.** 2ed., Brasília: EMBRAPA/CERNAGEM. 220p, 1998.

FIGUEIREDO, J.A. **Seleção de clones de batata-doce com potencial de utilização na alimentação humana e animal.** Diamantina, 2010, 54p (Dissertação de Mestrado) Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri-UFVJM.

FILGUEIRA, F.A.R. **Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. Viçosa: UFV, 421p, 2008.

FOLQUER, F. La batata (camote). **Estudio de la planta y su producción comercial.** Buenos Aires: Editorial Hemisfério Sur AS, 145p, 1978.

FONSECA, A.F.A.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D.; SAKAIYAMA, N.S.; FERRÃO, M.A.G.; BRAGANÇA, S.M. Divergência genética em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 4, p. 599-605, 2006.

FRANKEL, O.H.; BENNET, E. **Genetic resources in plants: their exploration and conservation**. Oxford: Blackwell, 554 p, 1970.

GOEDERT, C.O. Histórico e avanços em recursos genéticos no Brasil. In: NASS, L.L. (Ed.). **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília: Embrapa, p. 23-60, 2007.

GONÇALVES NETO, A.C.; MALUF, W.R.; GOMES, L.A.A.; GONÇALVES, R.J.S.; SILVA, V.F.; LASMAR, A. Aptidões de genótipos de batata-doce para consumo humano,

produção de etanol e alimentação animal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 11, p. 1513-1520, 2011.

GOULÃO, L.; OLIVEIRA, C.M. Molecular characterization of cultivars of apple (*Malusx domestica* Borkh.) using microsatellite (SSR and ISSR) markers. **Euphytica**, v. 122, p. 81-89, 2001.

HE, G.; PRAKASH, C.S.; JARRET, R.L. Analysis of genetic diversity in a sweetpotato (*Ipomoea batatas*) germplasm collection using DNA amplification fingerprinting. **Genome**, v. 38, p. 938-945, 1995.

HUAMÁN, Z. **Descriptors for Sweet potato**. Rome: CIP; AVRDC; IBPGR, 134p, 1991.

HUAMÁN, Z. **Morphologic identification of duplicates in collections of *Ipomoea batatas***. Lima: International Potato Center. 28p. (CIP Research Guide, 36), 1996.

HU, J.; NAKATANI, M.; MIZUNO, K.; FUJIMURA, T. Development and characterization of microsatellite markers in sweetpotato. **Breeding Science**, v. 54, p. 177-188, 2004.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção Agrícola Municipal. Culturas temporárias e permanentes**. 2012. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/pam/2012/default.shtm> Acesso em 28/02/2014.

JACCARD, P. Étude comparative de la distribuition florale dans une portiondes Alpes et des Jura. **Bulletin de la Societé Voudoise des Sciencies Natureller**, n. 37, p. 547-579, 1901.

JARRET, R.L.; BOWEN, N. Simple Sequence Repeats (SSRs) for sweetpotato germplasm characterization. **Plant Genetic Resources Newsletter**, v. 100, p. 9-11, 1994.

JESUS, O. N. de. **Caracterização morfológica e molecular de cultivares de bananeira**. Recife, 2006, 83p. (Dissertação de Mestrado) Universidade Federal Rural de Pernambuco-UFRPE.

KALKMANN, D.C.; PEIXOTO, J.R.; NÓBREGA, D.D.S. Reaction of sweet potato clones to Meloidogyne incognita races 1 and 4, and estimation of genetic parameters. **Horticultura Brasileira**, v. 31, n. 2, p. 293-296, 2013.

KOUSSAO, S.; GRACEN, V.; ASANTE, I.; DANQUAH EY.; OUEDRAOGO, J.T.; BAPTISTE, T.J.; JEROME, B.; VIANNEY, T.M .Diversity analysis of sweetpotato (*Ipomoea batatas* [L] Lam) germplasm from Burkina Faso using morphological and simple sequence repeats markers. **African Journal of Biotechnology**, v. 13, p. 729-742, 2014.

LA BONTE, D.R. Molecular biology in sweetpotato genetics: a means of progress, p. 21-29. In: T. Ames (ed.). Proceedings of the first international conference on sweetpotato: Food and health for the future, Lima, Peru. **Acta Horticulturae,** 583p. 2002.

LEONEL, M.; CEREDA, M. P. Caracterização físico-química de algumas tuberosas amiláceas. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v. 22, n. 1, p. 65-69, 2002.

LI, Y.C.; KOROL, A.B.; FAHIMA, T.; BEILES, A.; NEVO, E. Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. **Molecular Ecology**, v. 11, p. 2453-2465, 2002.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, v. 27, n. 2, p. 209-220, 1967.

MARCHESE, A.; MALUF, W.R.; GONÇALVES NETO, A.C.; GONÇALVES, R.D.S.; GOMES, L.A.A. Seleção de clones de batata-doce resistentes a *Meloidogyne incognita* raça 1. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, p. 997-1004, 2010.

MARIC, S.; LARIC, S.; ARTINCIC, J.; PEJÍC, I.; KOZUMPLINK, V. Genetic diversity of hexaploid wheat cultivars estimated by RAPD markers, morphological traits and coefficients of parentage. **Plant Breed**, v. 123, p. 366-369. 2004.

MARTINELLO, G.E.; LEAL, N.R.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G.; DAHER, R.F. Divergência genética em acessos de quiabeiro com base em marcadores morfológicos. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 1, p. 52-58, 2002.

MELO FILHO, P.A.; SANTOS, R.C.; MAFRA, R. C.; SANTOS, J.W.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C.J. Classificação de germoplasma de *Dioscorea* sp. através da análise das componentes principais. **Ciência Rural**, v. 30, n. 4, p. 619–623, 2000.

MELO, B.; MORAIS, P. T. Biologia molecular aplicada ao melhoramento genético do cafeeiro. **Revista Ciência Rural**, v. 41, n. 5, p. 753-760, 2011.

MEYER, A.S. **Comparação de coeficientes de similaridade usados em análise de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes.** Piracicaba, 2002, 118p. (Tese de Doutorado). Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - ESALQ.

MILACH, S.C.K. **Marcadores Moleculares em Plantas.** Porto Alegre. 141p, 1998.

MIRANDA, J.E.C.; FRANÇA, F.H.; CARRIJO, O.A.; SOUZA, A.F. **Batata-doce**. Brasília: Embrapa - CNPH, 14p, 1987. (Circular Técnica, 3).

MIRANDA, J.E.C.; FRANÇA, F.H.; CARRIJO, O.A.; SOUZA, A.F.; PEREIRA, W.; LOPES, C.A.; DILVA, J.B.C. **A Cultura da Batata-doce**. Brasília: EMBRAPA /CNPH, 94p, 1995.

MIRANDA, J.E.C.; FRANÇA, F.H.; CARRIJO, O.A.; SOUZA, A.F.; PEREIRA, W.; LOPES, C.A.; DILVA, J.B.C. **Batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.)**. 2 ed. Brasília: Embrapa/CNPH, 19p, 1989.

MOMENTÉ, V.G.; TAVARES, I.B.; RODRIGUES, S.C.S.; SILVEIRA, M.A.; SANTANA, W.R. Seleção de cultivares de batata-doce adaptados à produção de biomassa, via programa de melhoramento, visando à produção de álcool no estado do Tocantins. **Horticultura Brasileira**, Suplemento, v. 22, n. 2, p. 343-344, 2004.

MONTEIRO, A.B. Silagens de cultivares e clones de batata-doce para alimentação animal visando sustentabilidade da produção agrícola familiar. **Revista Brasileira de Agroecologia**. v. 2, n. 2, p. 978-981, 2007.

MONTES, S.M.N.M.; FIRETTI, R.; GOLLA, A.R.; TARSITANO, M.A.A. **Custos e rentabilidade da batata-doce (*Ipomoea batatas* (l.) na região oeste do estado de São Paulo: estudo de caso.** 2008. <http://www.infobibos.com/Artigos/2013_1/batata /index. htm>Acesso em: 16 /10/2013.

MOREIRA, R.M.P.; FERREIRA, J.M.; TAKAHASHI, L.S.A.; VANCONCELOS, M.E.C.; GEUS, L.C.; BOTTI, L. Potencial agronômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 30, p. 1051-1060, 2009.

MOULIN, M. M.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S.A.; SUDRÉ, C.P.; SANTOS, M.H.; SILVA, J.R.P. Collection and morphological characterization of sweet potato landraces in north of Rio de Janeiro state. **Horticultura Brasileira,** v. 30, p. 286-292, 2012.

MURILO, D.V. Aspectos econômicos da batata-doce. In: **Encontro de professores, pesquisadores e extensionistas do Rio Grande do Norte**, 4. Mossoró, RN: Escola Superior de Agricultura de Mossoró - ESAM, 21-28p, 1990.

NEIVA, I.P.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; VIANA, D.J.S.; FIGUEIREDO, J.A.; MENDONCA, C.V.; PARRELLA, R.A.C.; SANTOS, J.B. Caracterização morfológica de acessos de batata-doce do banco de germoplasma da UFVJM, Diamantina. **Horticultura Brasileira**, v. 29, p. 537-541, 2011.

OLIVEIRA, A.C.B.; SEDIYAMA, M.A.N.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D. Avaliação da divergência genética em batata-doce por procedimentos multivariados. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 22, p. 895-900, 2000.

OLIVEIRA, A.P.D.; SILVA, J.E.L.D.; PEREIRA, W.E.; BARBOSA, L.J.D.N. Produção de batata-doce e teor de amido nas raízes em função de doses de P2O5. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 27, n. 4, p. 747-751, 2005.

OZIAS-AKINS, P.; JARRET, R.L. Nuclear DNA content and ploidy levels in the genus *Ipomoea***. Journal of the American Society for Horticultural Science,** v. 119, p. 110-115, 1994.

PAINTING, K.A.; PERRY, M.C.; DENNING, R.A.; AYAD, W.G. 1995.**Guidebook for Genetic Resources Documentation.** Rome: IPGRI, 317p.

QUEIROGA, R.C.F.; SANTOS, M.A.; MENEZES, M.A.; VIEIRA, C.P.G.; SILVA, M.C. Fisiologia e produção de cultivares de batata-doce em função da época de colheita **Horticultura Brasileira**, v. 25, n. 3, p. 371-374, 2007.

R Core Team, 2014. R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0.

RAMOS, S.R.R.; QUEIROZ, M.A. Caracterização morfológica: experiência do BAG de cucurbitáceas da Embrapa Semi-Árido, com acessos de abóbora e moranga. **Horticultura Brasileira**, v. 17, suplemento, p. 9-12, 1999.

RAUEN, M.S.; BACK, J.C.V.; MOREIRA, E.A.M. Doença celíaca: sua relação com a saúde bucal. **Revista de Nutrição,** v. 18, n. 2, p. 271-276, 2005.

RIBEIRO, J.E.L.S.; R. BIANCHINI. **Convolvulaceae.** In J. E. L. S. RIBEIRO, M.J. G. HOPKINS, A. VICENTINI, C. A. S. SOTHERS, M. A. S. COSTA, J. M. BRITO, M. A. D.

SOUZA, L.H.P. MARTINS, L. G. LOHMAN, P. A.C. L. ASSUNÇÃO, E.C. PEREIRA, C. F. SILVA, M. R. MESQUITA & L. C. PROCÓPIO (eds.), Flora da Reserva Duck: Guia de identificação das plantas vasculares de uma floresta de terra-firme na Amazônia Central. Manaus, INPA, p. 588-591. 1999.

RITSCHEL, P.S.; HUAMÁN, Z. Variabilidade morfológica da coleção de germoplasma de batata-doce da Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, p. 485-492, 2002.

ROESLER, P.V.S.; GOMES, S.D.; MORO, E.; KUMMER, A.C.B.; CEREDA, M.P. Produção e qualidade de raiz tuberosa de cultivares de batata-doce no oeste do Paraná. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 30, n. 1, p. 117-122, 2008.

SAVELLI, R.A.; PÁDUA, T.S.; DOBRZYCKI, J.H.; CAL-VIDAL, J. Análises texturométricas e microestruturais de pães franceses contendo farinha de batata-doce. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, n. 3, p. 395-400, 1995.

SCHUMACHER, P.V.; MOTA, J.H.; YURI, J.E.; RESENDE, G.M. Competição de cultivares de batata-doce em Jataí-GO. **Horticultura Brasileira**, v. 30, p. 2720-2726, 2012.

SILVA, J.B.C.; LOPES, C.A.; MAGALHÃES, J.S. 2008. Embrapa Hortaliças. Sistemas de produção, 6, Versão Eletrônica. **Cultura da Batata-doce**. Disponível em: <http://www.cnph.embrapa.br/sistprod/batatadoce/index.htm>. Acesso em: 28 out. 2013.

SILVA, J.B.C.; LOPES, C.A.; MAGALHÃES, J.S. Cultura da batata-doce. In: CEREDA, M. P.; **Agricultura: Tuberosas amiláceas Latino Americanas**, São Paulo: Cargill, v. 2, p. 449-503, 2002.

SILVA, J.C. **Performance agronômica de genótipos de batata-doce obtidos de sementes botânica com potencial para produção de etanol**. Gurupi, 2010. (Dissertação de Mestrado) -Universidade Federal do Tocantins-UFT.

SILVEIRA, M.; CAMPOS, G.; ANDRÉ, C.; BESSA, G.; NOGUEIRA, S.; SILVA, V.; CARNEIRO, F. Resistência de clones de batata-doce coletados no Estado do Tocantins a insetos de solo e nematoides causadores de galhas. **Horticultura Brasileira**, Suplemento 2, v. 20, n. 2, 2002.

SOEGIANTO, A.; ARDIARINI, N.R.; SURGIARTO, N.A. Genetic diversity of sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) in East Java, Indonesia. **Journal of Agriculture and Food Technology**, v.1, n. 9, p. 179-183, 2011.

SOUZA, A.B. Avaliação de cultivares de batata-doce quanto a atributos agronômicos desejáveis. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 24, n. 4, p. 841-845, 2000.

SOUZA, A.P. Biologia molecular aplicada ao melhoramento. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELLO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas**. Rondonópolis: Fundação, p. 939-965, 2001.

TAVARES, I.B.; SANTANA, W.R.; SILVIEIRA, M.A.; SOUZA, R.C.; MAGALHAES, K.A.B.; MAGALHÃES FILHO, L.N.L.; CARDOSO, L.M.; OLIVEIRA, H.S.; VIDAL, A.S.C.; VIEIRA, G.E.G.; ALVIN, T.C. Produção de etanol utilizando como matéria-prima a batata-doce cultivada no estado do Tocantins. In: CONGRESSO INTERNACIONAL DE AGROENERGIA E BIONCOMBUSTÍVEIS, 2007, Teresina. **Anais...** Teresina: Embrapa Meio Norte, 2007. Disponível em: <http://www.cpamn.embrapa.br/agrobioenergia.php> Acesso em: 19/08/2013.

TSENG, Y.T.; LO, H.F.; HWANG, S.Y. Genotyping and assessment of genetic relationships in elite polycross breeding cultivars of sweet potato in Taiwan based on SAMPL polymorphisms. **Botanical Bulletin of Academia Sinica**, v. 43, p. 99-105, 2002.

VALLS, J.F.M. **Caracterização Morfológica, Reprodutiva e Bioquímica Vegetal.** (Anais): 1. In: I Encontro Sobre Recursos Genéticos, Jaboticabal-SP, p.106-108, 1988.

VEASEY, E.A.; BORGES, A.; ROSA, M.S.; QUEIROZ-SILVA, J.R.; BRESSAN, E.A.; PERONI, N. Genetic diversity in Brazilian sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam. Solanales, Convolvulaceae) landraces assessed with microsatellite markers. Genet. **Molecular Biology**, v. 31, n. 3, p. 725-733, 2008.

VEASEY, E.A.; SILVA, J.R.Q.; ROSA, M.S.; BORGES, A.; BRESSAN, E.A.; PERONI, N. Phenology and morphological diversity of sweet potato (*Ipomoea batatas)* landraces of the Vale do Ribeira. **Scientia Agrícola**, v. 64, n. 4, p. 416-427, 2007.

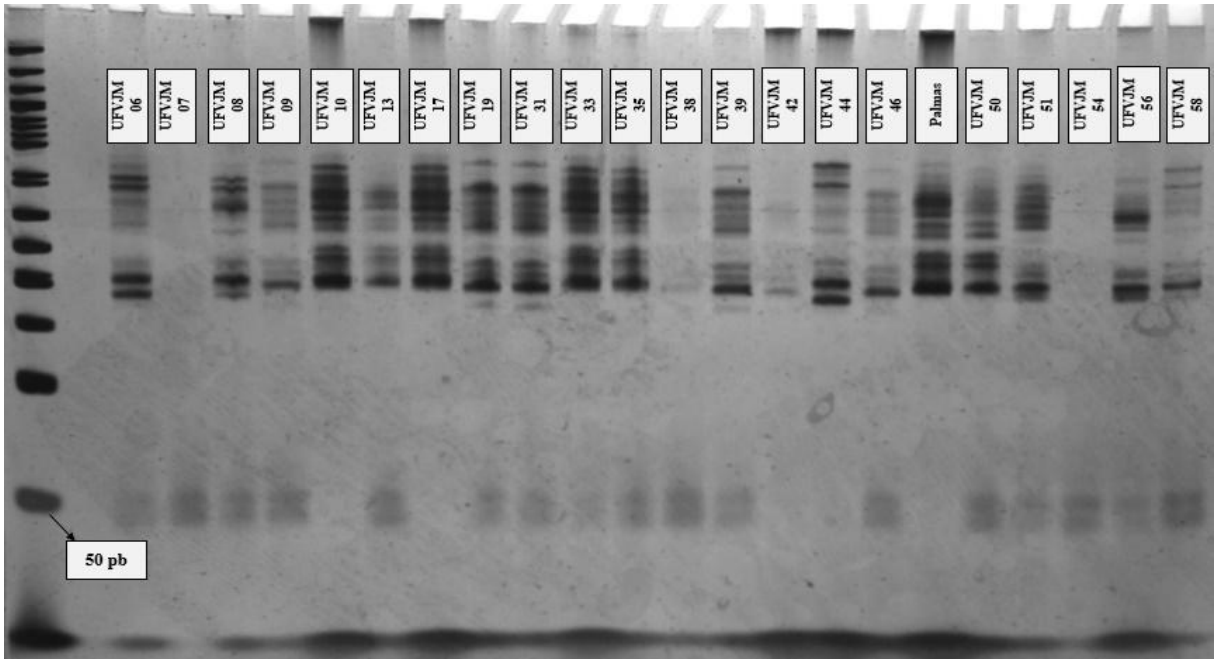
VIANA, D.J.S.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.A.; RIBEIRO, K.G.; PINTO, N.A.V.D.; NEIVA, I.P.; FIGUEIREDO, J.A.; LEMOS, V.T.; PEDROSA, C.E.; AZEVEDO, A.M. Potencial de silagens de ramas de batata-doce para alimentação animal. **Ciência Rural**, v. 41, p. 1466-1471, 2011.

VILAS BOAS, B.M.; OKUMURA, H.H.; MALUF, W.R. Cultura da batata-doce. **Boletim Técnico de Hortaliças**, Lavras-MG, n. 42, p.1-3, 1999. Disponível em: <http://www2.ufla.br/~wrmaluf/bth042/bth042.html> Acessado em:03/07/2014.

WACHIRA, F.N., NJAGI, G.D.E.; MAGAMBO, M.J.S. A comparative intraspecific karyotype analysis in some Kenyan tea cultivars *(Camellia sinensis* L.O. Kuntze). **Discovery and Innovation** (In press). 1997.

WILLIAMS, J.G.K.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J.; RAFALSKI, J.A.; TINGEY, S.V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, n. 22. p. 6531-6535, 1990.

ZERO, V.M.; LIMA, S.L. Manejo e produtividade da cultura da batata-doce (*Ipomoea batatas*) no município de Presidente Prudente – SP. **Energia na Agricultura**, v. 20, n. 4, p. 94-117, 2005.

APÊNDICE

Apêndice A: Zimograma dos DNAs de batata-doce por meio da técnica de microssatélite, amplificado via PCR, a partir do oligonucleotídeo IBSSR14 em gel de poliacrilamida 6%, corado com azul de bromofenol. Presença de bandas polimórficas.