DIVERSIDADE MORFOLÓGICA DA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE BATATA-DOCE DA UNOESTE

Carolina Cabral da Silva[1]; Dario Sousa da Silva[1]; David Alberto Florian Vargas[1]; Elisa Patrícia Ramos de Melo[1]; João Lucas Pires Leal[1]; Edgard Henrique Costa Silva[1]

[1]Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade do Oeste Paulista (UNOESTE).
E-mail: edgard@unoeste.br.

PROBLEMÁTICA

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) apresenta ampla diversidade fenotípica, expressa em características vegetativas e radiculares. Essa diversidade constitui um importante componente dos recursos genéticos disponíveis para conservação e melhoramento da cultura (YADA et al., 2010; JARRET et al., 2019). Entretanto, a manutenção de diferentes genótipos em uma coleção de germoplasma não permite, isoladamente, conhecer a diversidade efetivamente disponível, tornando necessária sua adequada caracterização.

Nesse contexto, a caracterização morfológica permite identificar diferenças entre os acessos com base em características vegetativas e radiculares, possibilitando reconhecer materiais com fenótipos contrastantes e selecionar aqueles que apresentam características de interesse para estudos posteriores. Em programas de melhoramento genético da batata-doce, essas informações podem auxiliar na escolha de genótipos para avaliações agronômicas específicas e na identificação de possíveis genitores para cruzamentos, conforme os objetivos do programa. Para a coleção de germoplasma mantida na Universidade do Oeste Paulista (Unoeste), essa caracterização constitui, portanto, uma etapa fundamental para documentar a variabilidade existente e orientar a conservação e a utilização dos acessos em pesquisas e estratégias de melhoramento genético.

CONHECIMENTO PRÉVIO

A caracterização morfológica constitui uma abordagem direta para documentar a diversidade fenotípica presente em coleções de germoplasma de batata-doce. A utilização de descritores relacionados às ramas, folhas e raízes tuberosas permite registrar diferentes componentes do fenótipo e comparar os materiais de forma sistematizada. Para essa finalidade, o *International Potato Center* (CIP), o *Asian Vegetable Research and Development Center* (AVRDC) e o *International Board for Plant Genetic Resources* (IBPGR) estabeleceram descritores padronizados para a caracterização e avaliação dos recursos genéticos da cultura (CIP; AVRDC; IBPGR, 1991).

A diversidade observada em cada descritor pode ser quantificada considerando a frequência das diferentes classes entre os genótipos avaliados. Para isso, o índice de diversidade de Shannon (H′) permite sintetizar essa distribuição em uma medida de diversidade, sendo calculado a partir das proporções de cada classe (SHANNON, 1948). Valores mais elevados indicam maior diversidade e distribuição mais equilibrada entre as classes, enquanto valores menores indicam maior concentração em uma ou poucas classes. A normalização do índice permite comparar descritores com diferentes números de classes, facilitando a identificação das características que mais contribuem para a variabilidade fenotípica da coleção (RITSCHEL; HUAMÁN, 2002; YADA et al., 2010).

DESCRIÇÃO DA PESQUISA

Foram avaliados 40 genótipos de batata-doce pertencentes à coleção mantida pelo Centro de Estudos em Olericultura e Fruticultura do Oeste Paulista (CEOFOP), da Universidade do Oeste Paulista (Unoeste), em Presidente Prudente, SP. A caracterização morfológica foi realizada utilizando 29 descritores vegetativos e radiculares, abrangendo características das ramas, folhas e raízes tuberosas.

A diversidade observada em cada descritor foi quantificada pelo índice de Shannon normalizado, considerando a distribuição dos genótipos entre as classes de cada característica. Para avaliar conjuntamente as diferenças morfológicas entre os genótipos, foi construída uma matriz de dissimilaridade de Gower, adequada à análise simultânea de variáveis de diferentes naturezas (GOWER, 1971). A estrutura multivariada dessa matriz foi representada por análise de coordenadas principais (PCoA), com correção de Lingoes para os autovalores negativos (LINGOES, 1971).

As relações entre os genótipos também foram avaliadas por agrupamento hierárquico utilizando o método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), ou método de agrupamento de pares não ponderados com média aritmética. Esse procedimento agrupa sucessivamente os genótipos ou grupos de genótipos com base nas menores distâncias médias entre os grupos, produzindo uma estrutura hierárquica representada por um dendrograma. A correspondência entre as distâncias representadas no dendrograma e a matriz original de dissimilaridade foi verificada pela correlação cofenética. A consistência da formação dos grupos foi examinada pelo coeficiente médio de silhueta, considerando soluções entre $k = 2$ e $k = 10$ grupos (ROUSSEEUW, 1987).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os 29 descritores avaliados apresentaram diferentes níveis de diversidade entre os genótipos, com valores do índice de Shannon normalizado variando de 0,169 a 0,993. Entre os descritores destacados na Tabela 1, os maiores valores foram observados para pubescência do ápice da rama (VTP; 0,993), intensidade da cor predominante da película (IPSC; 0,989) e comprimento do entrenó da rama (VIL; 0,954). Em contraste, a cor predominante da rama (PVC; 0,367), a cor da folha madura (MLC; 0,310) e o tamanho da folha madura (MLS; 0,169) apresentaram menores valores. Considerando a interpretação do índice, valores mais elevados indicam maior diversidade e distribuição mais equilibrada dos genótipos entre as classes do descritor, enquanto valores menores indicam maior concentração em uma ou poucas classes. Assim, os resultados evidenciam que as características avaliadas contribuíram de maneira distinta para a diversidade morfológica observada na coleção.

Quando os 29 descritores foram considerados conjuntamente, as dissimilaridades de Gower entre os genótipos variaram de 0,191 a 0,722, com média de 0,470, e nenhum par apresentou dissimilaridade igual a zero. Portanto, todos os genótipos avaliados apresentaram algum grau de diferenciação morfológica dentro do conjunto de características considerado. A ampla variação entre os materiais é consistente com resultados obtidos em outras coleções de germoplasma de batata-doce, nas quais a avaliação simultânea de características vegetativas e radiculares revelou expressiva diversidade morfológica (RITSCHEL; HUAMÁN, 2002; YADA et al., 2010).

A análise de coordenadas principais mostrou ampla dispersão dos genótipos no espaço multivariado (Figura 1). Os dois primeiros eixos explicaram 10,23% e 9,00% da variação, respectivamente, totalizando 19,23%, enquanto os cinco primeiros eixos acumularam 40,14%. A distribuição observada indica que a diversidade morfológica apresenta caráter multidimensional, sem concentração da variação em poucos eixos e sem separação visual dos materiais em grupos claramente delimitados.

Tabela 1. Descritores morfológicos selecionados com maiores e menores valores do índice de Shannon normalizado entre os 40 genótipos de batata-doce.

Descritor morfológico	***Sigla***	***Índice de Shannon normalizado***
Pubescência do ápice da rama	VTP	0,993
Intensidade da cor predominante da película	IPSC	0,989
Comprimento do entrenó da rama	VIL	0,954
Cor predominante da rama	PVC	0,367
Cor da folha madura	MLC	0,310
Tamanho da folha madura	MLS	0,169

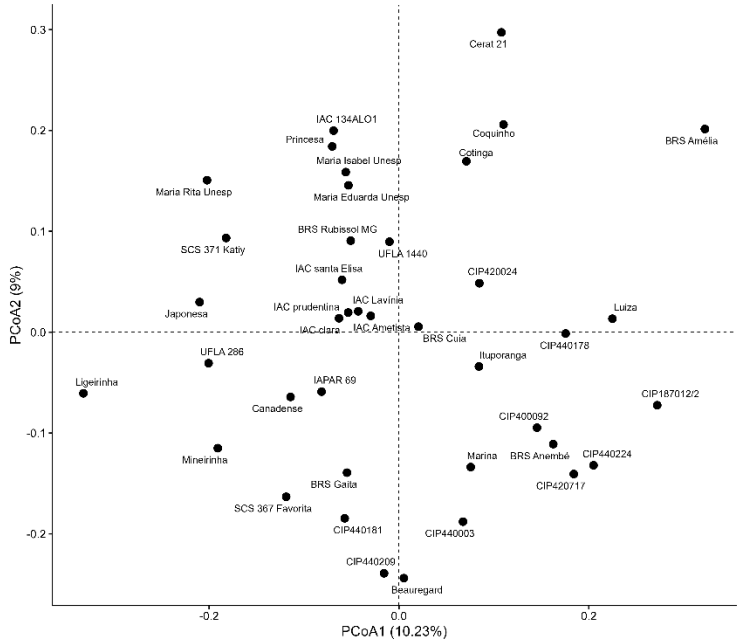


Figura 1. Análise de coordenadas principais (PCoA) da diversidade morfológica de 40 genótipos de batata-doce, baseada na matriz de dissimilaridade de Gower obtida a partir de 29 descritores morfológicos. Os dois primeiros eixos explicaram 10,23% e 9,00% da variação, respectivamente.

O agrupamento hierárquico pelo método UPGMA também evidenciou diferentes níveis de proximidade entre os genótipos (Figura 2). A correlação cofenética foi de 0,654, indicando correspondência moderada entre as distâncias representadas no dendrograma e as dissimilaridades presentes na matriz original. Em outras palavras, o dendrograma representou parte importante das relações de proximidade entre os genótipos, embora com alguma perda de informação. A avaliação da consistência dos agrupamentos mostrou baixos valores médios de silhueta em todas as soluções testadas, com maior valor para $k = 2$ (0,198). Esse resultado indica baixa separação entre os possíveis grupos e, portanto, não sustenta a existência de grupos morfológicos fortemente delimitados.

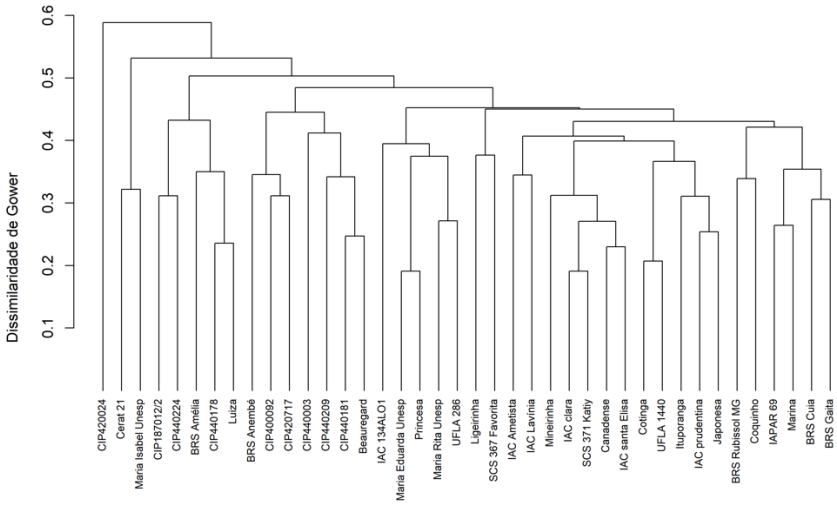


Figura 2. Dendrograma obtido pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade de Gower entre 40 genótipos de batata-doce caracterizados com 29 descritores morfológicos.

Em conjunto, os resultados demonstram que o germoplasma avaliado apresenta expressiva diversidade morfológica, distribuída de forma contínua e multidimensional. Assim, as relações de maior ou menor proximidade observadas entre determinados materiais não devem ser interpretadas como evidência de grupos fenotípicos rigidamente definidos. Para a coleção mantida na Unoeste, essa diversidade amplia o conjunto de materiais contrastantes disponível para caracterização e conservação e constitui uma fonte de variabilidade potencialmente útil para pesquisas e programas de melhoramento.

APLICAÇÃO PRÁTICA

A caracterização realizada demonstrou que a coleção de batata-doce mantida na Unoeste reúne genótipos morfologicamente distintos, com variabilidade distribuída entre diferentes características vegetativas e radiculares. Essas informações contribuem para a documentação e organização do germoplasma, permitindo reconhecer materiais mais próximos ou contrastantes com base no conjunto de descritores avaliados.

Para atividades de pesquisa e melhoramento, a diversidade identificada permite direcionar a escolha de materiais contrastantes para avaliações posteriores, cruzamentos ou estudos específicos de características de interesse. Entretanto, a divergência morfológica não deve ser interpretada isoladamente como indicação de superioridade agronômica, sendo necessária a avaliação dos caracteres de interesse de acordo com o objetivo de cada programa ou experimento.

A caracterização também fornece uma referência fenotípica para o acompanhamento da coleção ao longo do tempo, contribuindo para sua conservação e utilização como recurso genético em futuras pesquisas desenvolvidas na Unoeste.

AGRADECIMENTOS

À Universidade do Oeste Paulista (Unoeste) e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia pelo suporte e infraestrutura disponibilizados para o desenvolvimento da pesquisa. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Fundação de

Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pela concessão de bolsas e pelo apoio à formação dos pesquisadores envolvidos.

LITERATURA CITADA

CIP; AVRDC; IBPGR. *Descriptors for sweet potato*. HUAMÁN, Z. (ed.). Rome: International Board for Plant Genetic Resources, 1991.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, v. 27, n. 4, p. 857–871, 1971.

JARRET, R. L.; ANGLIN, N. L.; ELLIS, D.; VILLORDON, A.; WADL, P.; JACKSON, M.; ROSSEL, G. Sweetpotato genetic resources: today and tomorrow. In: *Achieving sustainable cultivation of potatoes*. Cambridge: Burleigh Dodds Science Publishing, 2019. p. 1–52.

LINGOES, J. C. Some boundary conditions for a monotone analysis of symmetric matrices. *Psychometrika*, v. 36, p. 195–203, 1971.

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, n. 4, p. 485–492, 2002.

ROUSSEEUW, P. J. Silhouettes: a graphical aid to the interpretation and validation of cluster analysis. *Journal of Computational and Applied Mathematics*, v. 20, p. 53–65, 1987.

SHANNON, C. E. A mathematical theory of communication. Bell System Technical Journal, v. 27, n. 3, p. 379–423, 1948.

YADA, B.; TUKAMUHABWA, P.; ALAJO, A.; MWANGA, R. O. M. Morphological characterization of Ugandan sweetpotato germplasm. *Crop Science*, v. 50, n. 6, p. 2364–2371, 2010.