

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



Dissertação

**Parentes silvestres da batata: áreas prioritárias para
coleta no Brasil e variabilidade do germoplasma**

Luís Henrique Dal Molin

Pelotas, 2017

Luís Henrique Dal Molin

**Parentes silvestres da batata: áreas prioritárias para coleta no Brasil e
variabilidade do germoplasma**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências (área do conhecimento: Fitomelhoramento).

Orientador: Dr. Gustavo Heiden

Co-orientadora: Dra. Caroline Marques Castro

Pelotas, 2017

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

M722p Molin, Luís Henrique Dal

Parentes silvestres da batata: áreas prioritárias para coleta no Brasil e variabilidade do germoplasma / Luís Henrique Dal Molin ; Gustavo Heiden, orientador ; Caroline Marques Castro, coorientadora. — Pelotas, 2017.

75 f. : il.

Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2017.

1. Batata-silvestre. 2. Recursos genéticos. 3. Solanum calvoscens. 4. Solanum chacoense. 5. Solanum commersonii. I. Heiden, Gustavo, orient. II. Castro, Caroline Marques, coorient. III. Título.

CDD : 633.49

Luís Henrique Dal Molin

Parentes silvestres da batata: áreas prioritárias para coleta no Brasil e variabilidade do germoplasma

Dissertação aprovada, como requisito parcial, para obtenção do grau de Mestre em Ciências, Área do conhecimento em Fitomelhoramento, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal de Pelotas.

Data da defesa: 11 de agosto de 2017-09-21

Banca examinadora:

.....
Dr. Gustavo Heiden – Embrapa Clima Temperado (orientador e presidente)
Doutor em Botânica pela Universidade de São Paulo

.....
Dr. Arione Pereira da Silva – Embrapa Clima Temperado
Doutor em Horticultura – Universidade de Guelph

.....
Dr. João Ricardo Vieira Iganci – Universidade Federal do Rio Grande do Sul
Doutor em Botânica pela Universidade Federal do Rio Grande do Sul

A Deus
Aos meus pais Adroaldo e Juçara Dal Molin e ao irmão Vitor.

Dedico

Agradecimentos

É sem dúvida especial para mim, dedicar esse espaço para fazer menção a pessoas e instituições que contribuíram para a realização desse importante trabalho, para obtenção do título de mestre em Agronomia.

Agradeço principalmente a Deus, por tudo, pela saúde e persistência que me mantém firme no cumprimento de meus objetivos.

À minha família, Adroaldo, Juçara e irmão Vitor, que me apoiaram desde o momento que surgiu meu interesse em iniciar o mestrado e a minha querida namorada Camila Jorge, pelo companheirismo nesses dois anos conturbados!

Ao meu orientador Gustavo Heiden, excelente profissional, amigo, muita gratidão pelas oportunidades e aprendizado proporcionado.

À co-orientadora e amiga Caroline Marques Castro pelo apoio e suporte durante o desenvolvimento dos experimentos e elaboração da dissertação.

À analista da Embrapa Clima Temperado Fabia Amorim, pela execução das análises de lacunas.

À Embrapa Clima Temperado pela estrutura tanto material como social no desenvolvimento do projeto de pesquisa, além de ser um ambiente integrador, que desempenha um papel fundamental no desenvolvimento regional.

Ao Laboratório de Recursos Genéticos, todos que participaram das atividades desenvolvidas durante o período, foram muitos momentos de alegria compartilhados.

Também agradeço a CAPES e ao Global Crop Diversity Trust, pelo fomento financeiro, fundamental para execução do projeto.

Muito obrigado!

Resumo

DAL MOLIN, Luís Henrique. **Parentes silvestres da batata: áreas prioritárias para coleta no Brasil e variabilidade do germoplasma.** 2017. 75f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

O Brasil é reconhecido internacionalmente pela riqueza em biodiversidade. Dentre as milhares de espécies vegetais existentes, temos três parentes silvestres da batata cultivada (*Solanum tuberosum*, Solanaceae) com ocorrência no país. A conservação e utilização de recursos genéticos das espécies cultivadas têm apresentado vantagens ao desenvolvimento mundial. Desse modo, o presente trabalho tem por objetivo qualificar ações de coleta e conservação de acessos de batata-silvestres para o melhoramento da batata cultivada no enfrentamento de possíveis obstáculos futuros. Para tal, foram desenvolvidos dois estudos, o primeiro teve por objetivo utilizar a metodologia *Gap Analysis* ou análise de lacunas, para identificar áreas prioritárias para coleta de germoplasma de batata-silvestre no Brasil. Os dados de pontos geográficos de acessos coletados e conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Clima Temperado e os registros de ocorrência em herbários para as três espécies silvestres foram submetidos à análise de lacunas. Os resultados apontaram três principais regiões majoritariamente localizadas em Santa Catarina, de ocorrência para duas espécies de média prioridade de coleta. A segunda pesquisa avaliou a variabilidade genética baseada na caracterização morfológica entre os acessos de batata-silvestre conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Clima Temperado. Para tanto, foram cultivados 54 acessos de batata-silvestre em ambiente protegido de casa-de-vegetação na Embrapa Clima Temperado, com posterior aplicação dos descritores morfológicos para batata. Após, com base nos dados de caracterização, foi realizada análise multivariada utilizando dois métodos estatísticos: o agrupamento UPGMA e a análise de componentes principais. Por meio do agrupamento dos 54 acessos foi possível observar a formação de 39 grupos. A análise dos componentes principais evidenciou que os caracteres que mais contribuíram para a variabilidade do conjunto de acessos avaliados considerando o primeiro componente foram o número de folíolos laterais e a cor do caule. Para o segundo componente os caracteres de maior autovetor foram a cor predominante da flor e a intensidade da coloração da base do broto. Foi evidenciado alto grau de variabilidade fenotípica entre os acessos do BAG. Por fim, o presente trabalho destaca a importância da variabilidade genética para o melhoramento da espécie cultivada, pois além de fornecer informações preliminares sobre os acessos conservados, orienta novos locais para coleta de germoplasma inédito, provendo o melhorista de dados sobre o germoplasma de batata-silvestre para uso atual ou futuro na obtenção de genótipos superiores.

Palavras-Chave: Batata-silvestre, Recursos Genéticos, *Solanum calvescens*, *Solanum chacoense*, *Solanum commersonii*.

Abstract

DAL MOLIN, Luís Henrique. **Wild potato relatives: collecting priorities in Brazil and germplasm variability**. 2017. 75f. Dissertation (Masters) – Post Graduation Program on Agronomy. Federal University of Pelotas, Pelotas.

Brazil is internationally recognized for the richness of its biodiversity, among the thousands of plant species that exist, the country has three wild relatives of the cultivated potato (*Solanum tuberosum*, Solanaceae). The conservation and utilization of genetic resources of the cultivated species have presented advantages to the world development. Thus, the present work aims to qualify actions of collection and conservation of wild potato accesses for potato breeding in the face of possible future obstacles. To do this, two studies were developed, the first of which was to use the Gap Analysis methodology to identify priority areas for the collection of wild potato germplasm in Brazil. Data from the geographic points of accesses collected and conserved at the Embrapa Active Gene Bank with the records of occurrence for the three wild species were analyzed with the aid of R software. The results highlighted three main regions located in Santa Catarina with occurrence of two species of medium collection priority. Thus, new collection expeditions are necessary to increase the conserved genetic variability, with the introduction of new accesses from areas previously not sampled. The second research evaluated the genetic variability based on the morphological characterization among the wild potato accesses conserved in the Embrapa Clima Temperado Gene Bank. For this, 54 wild potato accessions were cultivated in a protected environment in greenhouses at Pelotas, RS, Brazil, with subsequent application of the morphological descriptors for potatoes. Afterwards, based on the data collected, the multivariate analysis of the data was performed using two statistical methods: the UPGMA grouping and the main component analysis. By grouping the 54 accessions into similar sets it was possible to observe the existence of 39 groups. Consequently, the analysis of the main components showed that the characters that contributed the most to the variability of the set of accesses evaluated according to the first component were number of lateral leaflets and stem color. Whereas for the second component the characters of greater eigenvector were predominant color of the flower and intensity of coloration of the base of the shoot. The UPGMA group confirmed the occurrence of a high degree of phenotypic variability among the accesses of the genebank, in addition to identifying the variables that contributed the most to the formation of groups among the genotypes according to each of the two main components selected. Finally, the present work confirms the importance of genetic variability for the breeding of the cultivated species, providing preliminary information on the conserved accesses. The study points new sites for the collection of new germplasm, providing data on wild potato germplasm for current or future use in crop breeding to obtain superior genotypes.

Key words: Genetic Resources, *Solanum calvescens*, *Solanum chacoense*, *Solanum commersonii*.

Lista de figuras

CAPÍTULO I – Áreas prioritárias para coleta de germoplasma silvestre de batata no Brasil:

Figura 1: Registros de ocorrência de <i>Solanum commersonii</i> em herbários em relação a localidade de origem dos acessos conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Batata da Embrapa	31
Figura 2: Registros de ocorrência de <i>Solanum chacoense</i> em herbários em relação a localidade de origem dos acessos conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Batata da Embrapa.....	32
Figura 3: Registros de ocorrência de <i>Solanum calvescens</i> em herbários em relação a localidade de origem dos acessos conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Batata da Embrapa.....	33
Figura 4: Áreas prioritárias para a coleta de germoplasma de parentes silvestres de batata no Brasil (R1, R2 e R3) de acordo com resultados da análise de lacunas (<i>Gap Analysis</i>).....	34

CAPÍTULO II – Caracterização morfológica de recursos genéticos de batata-silvestre para uso no melhoramento da batata:

Figura 1: A. Mudanças das espécies silvestres (<i>S. calvescens</i> , <i>S. chacoense</i> e <i>S. commersonii</i>) oriundas do Banco Ativo de Germoplasma de Batata no Laboratório de Cultura de Tecidos da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS. B. Fase de aclimação das mudas em solução hidropônica; C. Tubérculos armazenados em câmara fria do Banco Ativo de Germoplasma de Batata; D. Plantio em vasos com substrato; E. Experimento implementado; F. Plantas em plena floração	45
Figura 2: Análise de agrupamento dos 54 acessos caracterizados com 27 descritores morfológicos pelo método UPGMA com base na divergência genética (D_{ij}), onde: $D_{ij} = 1 - [(C) / (C + D)]$, em que D_{ij} é a distância entre os genótipos i e j, C é o total de concordância para as variáveis avaliadas e D é o total de discordância.....	58
Figura 3: Dispersão gráfica de 54 genótipos de batata-silvestre pela análise de componentes principais com base na caracterização de 27 variáveis morfológicas. O primeiro componente explica 16,06% e o segundo, 11,37% da variação observada.....	59

Figura 4: Coloração arroxeada devido a presença de antocianinas em acessos de batatas silvestres caracterizados durante o trabalho. A) 4; B) 26; C) 27 e D) 34 no BAG de Batata da Embrapa.....	62
Figura 5: Variável número de segmentos intersticiais (NSI) nos acessos A. BGB94 (<i>Solanum chacoense</i>) e B. BGB103 (<i>Solanum chacoense</i>) ambos oriundos de Córdoba, Argentina.....	64
Figura 6: Variável cor predominante da flor (CPF) em acessos de <i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i> : A. BGB56; B. BGB59; C. BGB67; D. BGB68.....	65
Figura 7: Variáveis cor predominante da flor (CPF) e intensidade da coloração da flor (ICP) A. BGB45 (<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>) B. BGB80 (<i>S. chacoense</i>).....	66

Lista de tabelas

CAPÍTULO I – Áreas prioritárias para coleta de germoplasma de batata-silvestre no Brasil:

Tabela 1 - Dados de passaporte dos acessos de batata-silvestre conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Batata na Embrapa.....	21
Tabela 2 - Registros de localidades relativos aos pontos de ocorrência para as três espécies de batatas nativas do Brasil obtidos a partir da consulta a bancos de dados de herbários (acrônimos de acordo com THIERS 2017) e de vouchers (ECT) do Banco de Germoplasma de Batata da Embrapa.....	23
Tabela 3 - Relação dos municípios abrangidos pelas três áreas prioritárias para coleta de germoplasma de batata nos estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina.....	35

CAPÍTULO II – Caracterização morfológica de recursos genéticos de batata-silvestre para uso no melhoramento da batata:

Tabela 1 - Acessos de batata-silvestre (<i>Solanum</i> , Solanaceae) caracterizados morfológicamente. BGB é o código de tombamento no Banco de Germoplasma de Batata.....	44
Tabela 2 - Descritores morfológicos propostos por Huamán (1994), Gómez (2000), e MAPA (2012) aplicados aos acessos de parentes silvestres do BAG de batata da Embrapa.....	46
Tabela 3 - Caracterização morfológica dos acessos de parentes silvestres do Banco Ativo de Germoplasma de Batata da Embrapa conforme descritores propostos por Huamán (1994), Gómez (2000), e MAPA (2012).....	52
Tabela 4 - Vetores próprios dos dois componentes principais da caracterização morfológica dos acessos de batata-silvestre do BAG da Embrapa Clima Temperado.....	60

Sumário

RESUMO.....	V
ABSTRACT.....	VI
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	12
2 CAPÍTULO I – ÁREAS PRIORITÁRIAS PARA COLETA DE GERMOPLASMA DE BATATA-SILVESTRE NO BRASIL.....	16
2.1 INTRODUÇÃO.....	16
2.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	19
2.3 RESULTADOS.....	23
2.4 DISCUSSÃO.....	36
2.5 CONCLUSÃO.....	39
3 CAPÍTULO II - VARIABILIDADE DE ACESSOS DE BATATA-SILVESTRE DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA	
3.1 INTRODUÇÃO.....	40
3.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	43
3.2.1 Cultivo.....	43
3.2.2 Caracterização.....	43
3.2.3 Análise dos resultados.....	50
3.3 RESULTADOS.....	50
3.4 DISCUSSÃO.....	61
3.5 CONCLUSÃO.....	66
4 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	67
REFERÊNCIAS.....	69

1. INTRODUÇÃO GERAL

A batata (*Solanum tuberosum* L., Solanaceae) é o terceiro alimento mais consumido no planeta e é a principal hortaliça plantada em território brasileiro (ABBA, 2015). O Brasil produz de 3,5 a 3,9 milhões de toneladas de batata anualmente em uma área entre 130.000 e 140.000 hectares. As principais áreas de produção estão localizadas em Minas Gerais, Paraná, São Paulo e Rio Grande do Sul. Segundo a Associação Brasileira da Batata o número de produtores caiu de 30.000 em 1995 para menos de 5.000 em 2014, porém com aumento de extensão da área cultivada por produtor e aumento de rendimento por hectare, em função da tecnologia desenvolvida por meio de instituições privadas e/ou públicas, cujas inovações são indispensáveis para tornar a agricultura uma atividade viável economicamente (GITAH, 2015).

Segundo a Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO, 2008), embora tenha ocorrido significativo aumento na produção de batata nos países em desenvolvimento, o consumo ainda está longe de atingir a média dos países desenvolvidos. Na África, a média anual de consumo por pessoa é de 14,18 kg, na América Latina 23,65 kg, na América do Norte 57,94 kg e na Europa 96,15 kg. Enquanto no mundo a média é de 33,68 kg e no Brasil de apenas 14,23 kg por ano (ABBA, 2015).

Estima-se que nos próximos 20 anos a população mundial terá um aumento de 100 milhões de habitantes ao ano, sendo que mais de 95% deste aumento ocorrerá em países em desenvolvimento. Portanto, será um grande desafio garantir de forma segura e ininterrupta a alimentação das gerações futuras, e a batata, que é um dos mais importantes alimentos da humanidade, seguramente desempenhará função primordial na superação deste desafio. Segundo Walter (2005), o melhoramento genético se mostra uma alternativa benéfica e de menor impacto ambiental capaz de suprir a demanda prevista por alimentos para os próximos anos, tendo em vista o aumento no número de pessoas no planeta.

A batata pertence à família Solanaceae, assim como outras culturas de importância relevante na economia mundial, como o tomate (*Solanum lycopersicum* L.), a berinjela (*Solanum melongena* L.) e o tabaco (*Nicotiana tabacum* L.). O cultivo teve sua origem na América do Sul, mais precisamente entre o sul do Peru e o norte

da Bolívia, local apontado como centro de origem da principal espécie cultivada (CASTRO, 2008).

Apesar de a batata ser originária da América do Sul, sua distribuição para o resto do mundo ocorreu a partir da Europa, após a adaptação da introdução de algumas variedades indicadas para dias longos. A difusão da batata dos Andes para o resto do mundo iniciou com os conquistadores que vieram em busca de ouro e levaram de volta para a Europa a *Solanum tuberosum*. Porém, para que a planta se tornasse um alimento para a população europeia foi necessária a superação de hábitos alimentares já enraizados no Velho Mundo, além do desafio de adaptar uma planta cultivada durante milênios nos Andes ao clima temperado do Norte. Do rico acervo genético de batata que saiu da América do Sul, apenas uma pequena alíquota se adaptou e demorou cerca de 150 anos para gerar variedades adequadas aos dias longos de verão (FAO, 2008).

A partir da adaptação, estas novas cultivares impulsionaram o desenvolvimento da civilização europeia, devido a características como a riqueza em energia e nutrientes, a facilidade de cultivo em pequenas parcelas, o baixo custo e o cozimento simples. Porém, os tubérculos que vinham sendo clonados e cultivados em toda a América do Norte e Europa pertenciam a algumas poucas variedades geneticamente semelhantes. Isso significava que elas eram altamente vulneráveis: uma praga ou doença que atingisse uma planta poderia se espalhar rapidamente para as demais. Isto veio a ocorrer entre 1845 e 1848, a requeima da batata (*Phytophthora infestans*) dizimou as lavouras da Europa levando à fome, que causou a morte de mais de um milhão de pessoas. Esse fato levou melhoristas a buscarem o desenvolvimento de novas cultivares mais resistentes, utilizando germoplasma de batata do Chile e assim se tornou possível uma retomada da expansão do cultivo. Simultaneamente, por meio da colonização de europeus a outros países como é o caso do Brasil, que por meio da chegada de imigrantes ao Rio Grande do Sul, trouxeram em navios tubérculos para cultivo, tornando assim o estado gaúcho o berço do plantio de batata no Brasil (PEREIRA, 2003).

A produtividade da batata na Região Sul, cerca de 13,7 ton/ha, é inferior à média nacional, que é em torno de 18,3 ton/ha, e apresenta deficiência na qualidade culinária e com relação à aparência do tubérculo, especialmente por conta da dependência de cultivares estrangeiras. Tais batatas, ainda, apresentam problemas de adaptação às condições ecológicas da região e elevada suscetibilidade às

principais doenças, como a requeima (*Phytophthora infestans*) e a pinta-preta (*Alternaria solani*) (PEREIRA, 2003).

O processo de disseminação e adaptação da batata para o cultivo em diferentes condições ambientais, combinado com o intenso trabalho de melhoramento genético, ocasionou drástica redução da variabilidade genética. Estudos baseados em pedigrees, marcadores morfológicos e moleculares confirmam que a batata é caracterizada por restrita variabilidade genética, o que justifica intensificar trabalhos de melhoramento que visem à redução da vulnerabilidade genética dessa cultura (BISOGNIN, 2003).

Segundo Pereira (2003), para o desenvolvimento da cultura é necessário o melhoramento genético, visando atender nichos de mercado, sobretudo o de batatas para processamento, onde tem se observado constante crescimento. Para isso, é fundamental o desenvolvimento de germoplasma melhorado de maneira a se adaptar mais facilmente às condições ecológicas e tecnológicas das regiões produtivas brasileiras e que, por consequência, irão proporcionar mais facilidade de manejo e menor custo para o mesmo nível de produtividade.

Os parentes silvestres da batata são importantes fontes de novas variações para o melhoramento genético da batata cultivada. Essas espécies apresentam ocorrência em praticamente toda América, desde o sudoeste dos Estados Unidos até o centro da Argentina e Chile. No entanto, apesar de uma grande variabilidade presente nas batatas-silvestres (HAWKES, 1990), muitas das espécies têm um aspecto geral semelhante à batata cultivada (SPOONER & BERG, 1992). Em termos de morfologia, uma batata-silvestre típica tem folhas partidas (algumas espécies têm as folhas inteiras), corolas partidas em vários tons de roxo (cores variam do branco ao azul, roxo e rosa) e pentagonais (algumas são estreladas), e frutos esféricos geralmente ovóides (alguns são cônicos ou globosos). Estas semelhanças levaram a tratamentos taxonômicos amplamente conflitantes sobre a taxonomia das batatas-silvestres (HIJMANS & SPOONER, 2001). No Brasil é considerada a existência de pelo menos duas espécies parentes silvestres da batata cultivada (*Solanum commersonii* Dunal e *Solanum chacoense* Bitter), que apresentam enorme variação fenotípica do ponto de vista morfológico. Para *S. commersonii* duas variedades são frequentemente reconhecidas: *S. commersonii* subsp. *commersonii* e *S. commersonii* subsp. *malmeanum* (Bitter) Hawkes & Hjert. (MENTZ, 2004; FLORA DO BRASIL,

2016), enquanto o reconhecimento de *S. calvescens* Bitter como uma espécie aceita ou um sinônimo de *S. chacoense* ainda não é consensual.

Em 1946, a Embrapa Clima Temperado, em Pelotas, iniciou um programa de melhoramento genético, voltado ao lançamento de novas cultivares adaptadas às principais regiões produtoras de batata, na tentativa de superar os obstáculos apontados por produtores para atender ao mercado. Desde 1986 essa unidade desenvolve atividades de resgate e conservação de germoplasma de espécies de batata-silvestre (BARBIERI et al., 2006), mantendo uma coleção de genótipos silvestres no Banco Ativo de Germoplasma de Batata – BAG de Batata, com a finalidade de uso no melhoramento. Contudo, a amostragem disponível ao nível global é incompleta, sendo necessários mais esforços para identificar e preencher as lacunas em coleções *ex situ* (RAMIREZ-VILLEGAZ, 2010).

Diante do exposto e considerando a necessidade de estudos relacionados à diversidade genética das espécies de batatas para programas de conservação e de melhoramento genético, este trabalho teve como objetivo geral contribuir para a coleta e caracterização de recursos genéticos de batatas-silvestres. Os objetivos específicos foram 1) identificar as lacunas de amostragem do BAG, através dos registros de ocorrência das espécies no Brasil e avaliação por meio da análise de lacunas (*gap analysis*), e 2) avaliar a diversidade morfoagronômica em acessos de batatas-silvestres do BAG de batata.

2. ÁREAS PRIORITÁRIAS PARA COLETA DE GERMOPLASMA DE BATATA-SILVESTRE NO BRASIL.

2.1. Introdução

O aumento da população e do consumo está colocando demandas sem precedentes na agricultura e nos recursos naturais. Hoje, cerca de um bilhão de pessoas sofrem de desnutrição crônica, enquanto nossos sistemas agrícolas estão degradando simultaneamente a terra, a água, a biodiversidade e o clima em uma escala global (FOLEY et al., 2011). A demanda mundial de alimentos está aumentando rapidamente, assim como os impactos ambientais da expansão agrícola. Tilman et al. (2011) apontam que para atender a demanda por alimentos prevista para 2050 os impactos ambientais que serão gerados podem variar dependendo de como a agricultura global irá se comportar durante a sua expansão. Em outras palavras, segundo esses autores, seguindo a tendência de maior intensificação da agricultura em nações mais ricas ao passo que, em civilizações mais pobres, o processo de extensificação da agricultura se dará por meio do desmatamento de áreas de florestas. Estima-se que 1 bilhão de hectares serão necessários para atender a demanda. No entanto, se a demanda fosse atendida por meio da intensificação em áreas já cultivadas de nações subdesenvolvidas, o desenvolvimento de novas tecnologias que possibilitassem aumento na produtividade e na produção ocasionariam um desmatamento bem menor, sendo que a área utilizável cairia para 0,2 bilhões de hectares. Caso a produção de alimentos seja muito abaixo do cenário previsto, a qualidade de vida da população e a própria paz mundial estarão seriamente comprometidos, com prejuízo incalculável. Para enfrentamento desses obstáculos, existem pelo menos três alternativas para aumento de produtividade: maior utilização de fertilizantes minerais, principalmente nutrição química; o aumento das áreas destinadas a lavouras; e por último, o melhoramento genético dos cultivos, sendo o melhoramento a alternativa mais sustentável do ponto de vista ambiental (WALTER & CAVALCANTI, 2003).

Os parentes silvestres de culturas domesticadas possuem diversidade genética útil para desenvolver cultivares mais produtivas, nutritivas e resilientes (CASTAÑEDA et al., 2016). Os melhoristas obtêm material genético dos parentes silvestres de espécies cultivadas (*Crop Wild Relatives* - CWR) mantidos em bancos de germoplasma. Em relação ao melhoramento genético da batata cultivada, diversos estudos foram conduzidos com objetivo de identificar genes de interesse em espécies silvestres para posterior obtenção de genótipos superiores. O germoplasma silvestre pode ser usado como fonte de genes de resistência a estresses bióticos e abióticos, os quais não são encontrados no pool gênico da batata cultivada. Segundo estudos já realizados com parentes silvestres da batata, é possível utilizar *S. commersonii* no melhoramento da batata cultivada através da seleção de genótipos com resistência a murcha bacteriana causada pela *Ralstonia solanacearum* Smith, observado em alguns genótipos silvestres do Uruguai (GONZÁLES et al., 2013), como também pela introgressão de genes de tolerância ao frio verificados em *S. commersonii*, que quando cruzada com alguns genótipos de *S. tuberosum* resultou em híbridos somáticos com resistência à geada (CARDI et al., 1993). Sobre *S. chacoense*, foram identificados dois genótipos sem os sintomas da doença conhecida por murcha de verticílio após inoculação com o patógeno *Verticillium albo-atrum* Reinke & Berthold (LYNCH et al., 1997). Outra contribuição de parentes silvestres no melhoramento da batata se deu pela introgressão de resistência ao edulcorante induzido pelo frio, melhorando a qualidade de chips de tubérculos armazenados sob baixas temperaturas (JANSKY et al., 2011).

A Embrapa Clima Temperado, localizada no Rio Grande do Sul, desenvolve um programa de melhoramento genético do qual já disponibilizou aos produtores diversas novas cultivares. Para tal finalidade desde os anos 80 vem mantendo um Banco Ativo de Germoplasma (BAG de batata) onde são conservados diversos clones da espécie cultivada e genótipos de parentes silvestres. Esses acessos foram adquiridos através de expedições de coleta e de intercâmbio com outras instituições de pesquisa do país e do exterior (BARBIERI et al., 2006). Atualmente, o BAG conserva 337 acessos de batata cultivada e 73 de parentes silvestres e têm como objetivo evitar a perda de recursos genéticos, identificar e caracterizar genótipos, e conservar fontes de genes para uso atual ou futuro.

De acordo com Ramirez-Villegaz et al. (2010), existe uma grande lacuna no conhecimento sobre a diversidade genética de importantes culturas agrícolas que

ainda deve ser preenchida em coleções *ex situ* de germoplasma. Maxted e Kell (2009) estimaram que 94% das espécies de parentes silvestres das culturas agrícolas europeias estão completamente ausentes em coleções *ex situ*. Portanto, a questão crucial que orienta a pesquisa atual é descobrir se a diversidade ou pool gênico das populações de batatas-silvestres existente no Brasil está de fato representado no BAG de batata da Embrapa.

A ferramenta de análise de lacunas ou *Gap Analysis* (RAMIREZ-VILLEGAS et al., 2010), permite explorar as lacunas de conservação existentes para identificar locais com germoplasma inédito e coletar e caracterizar os materiais genéticos, para que futuramente sejam úteis ao melhoramento da batata cultivada, em razão da preocupante ameaça de perda da biodiversidade atribuída à destruição de habitats, a urbanização e as mudanças de práticas agrícolas tradicionais para industriais, entre outros fatores, como as mudanças climáticas que vão exercer maior pressão sobre os ecossistemas selvagens e agrícolas (CASTAÑEDA et al. 2016). A análise de lacunas refere-se a um método sistemático de análise do grau de conservação dos táxons, a fim de identificar os locais, os táxons e os traços particulares (adaptações) não protegidos ou subamostrados nos sistemas de conservação (MAXTED et al., 2008).

A análise de lacunas é uma excelente ferramenta para otimizar a eficiência de expedições de coleta e conservação de germoplasma diminuindo trabalhos de campo desnecessários e reduzindo custos. Essa análise atua no sentido de direcionar os esforços de coleta para áreas geográficas onde existam populações de espécies ainda não representadas em bancos de germoplasma, além de determinar quais as áreas que são "sub-coletadas" ou "super-coletadas" para o germoplasma em relação à distribuição conhecida de um táxon. Possibilita localizar quais regiões têm a maior riqueza de espécies ou a maior diversidade genética em comparação com outras regiões e delinear as amplitudes ecológicas de cada espécie de forma que uma representação mais ampla dos ecótipos ou populações geneticamente adaptadas de cada uma possa ser amostrada (NABHAN, 1990).

Atualmente as tecnologias de Sistemas de Informação Geográfica (SIG), permitiram uma melhor compreensão da distribuição de espécies e da representatividade de coleções de germoplasma, facilitando o melhor planejamento de conservação de espécies selvagens, parentes silvestres de espécies cultivadas e também espécies já domesticadas. A metodologia proposta por Ramirez-Villegaz et

al. (2010) serve para análise de lacunas destinada a informar o planejamento da coleta de germoplasma para conservação *ex situ*, com base nos recursos de informação disponíveis, utilizando SIG.

As distribuições de coleções *ex situ* são comparadas às distribuições das espécies modeladas por SIG com base em dados de herbários e de bancos de germoplasma. O número total bruto de acessos de germoplasma, assim como a distribuição (geográfica e ambiental) desses acessos, são comparados com distribuições modeladas, a fim de identificar lacunas na cobertura de conservação *ex situ*. Estes resultados formam a base para uma priorização dos táxons alvos para coleta e a identificação dos locais de maior prioridade (isto é, áreas diversas e sub-representadas) para a coleta mais eficiente e efetiva, a fim de aumentar ainda mais a diversidade genética conservada *ex situ* (RAMIREZ-VILLEGAS et al., 2010).

Castañeda et al. (2015) analisaram o estado de conservação *ex situ* de 73 dos parentes silvestres mais próximos da batata (*Solanum* sect. *Petota*), com o objetivo de estabelecer prioridades para a coleta para preencher lacunas importantes em coleções de germoplasma. Embora em seu trabalho não incluísse dados dos acessos conservados no BAG de Batata da Embrapa, foi apontado uma espécie de ocorrência no Brasil, (*S. chacoense*) como deficientemente amostrada em coleções de germoplasma mundiais.

Com intuito de revisar e aprofundar esse estudo com foco em espécies nativas do Brasil, o objetivo do trabalho foi verificar a eficiência da metodologia de *Gap Analysis* para identificar áreas prioritárias para a coleta de germoplasma de parentes silvestres de batata (*Solanum* sect. *Petota*, Solanaceae) no Brasil, utilizando a *Gap Analysis*, a fim de levantar possíveis pontos atuais de ocorrência das espécies nativas de batata não amostrados em bancos de germoplasma para realizar novas coletas e garantir a sua preservação, além de aumentar a variabilidade genética no BAG de Batata, disponibilizando material inédito para uso futuro nos programas de melhoramento genético.

2.2 Material e Métodos

A identificação de áreas prioritárias para coleta de germoplasma de parentes silvestres de batata no Brasil foi baseada na metodologia proposta por Ramirez-Villegas et al. (2010), que inclui as seguintes etapas: 1. Determinação das espécies

alvo e coleta dos dados de ocorrência; 2. Determinação das deficiências de amostragem das espécies; 3. Criação de modelos de distribuição potencial das espécies; 4. Avaliação da cobertura geográfica; 5. Determinação das lacunas ambientais; 6. Determinação da raridade de cada espécie com base em variáveis ambientais; 7. Avaliação numérica para determinação da prioridade de coleta das espécies para conservação *ex situ*; e 8. Priorização das áreas geográficas para coleta do germoplasma.

Para a identificação das lacunas de amostragem e conservação, inicialmente foi levantada toda a diversidade das espécies de batatas-silvestres nativas do Brasil (*S. calvescens*, *S. commersonii* e *S. chacoense*), cujos registros de ocorrência foram obtidos por meio de pesquisa na base de dados *Global Biodiversity Information Facility* (GBIF), speciesLink (CRIA, 2016), Herbário Virtual REFLORA (REFLORA, 2016) e revisão de espécimes nos herbários BHCB, CEN, CPAP, ESA, HAS, HPL, HUFU, MVFA, MVJB, MVM, PEL, R, RB, RBR, SPF, UB (THIERS, 2015) e revisado os dados de passaporte no banco de dados ALELO (Tabela 1) do BAG de Batata da Embrapa e revisão de material bibliográfico (MENTZ, 2004). Os registros obtidos foram agrupados em um banco de dados, onde cada acesso (material genético) foi tratado individualmente. Foram considerados válidos, os acessos com respectivos dados de passaporte (quando disponíveis) e o nome dos locais de coleta (bem como as coordenadas geográficas do ponto de coleta). A etapa seguinte consistiu na verificação e correção dos dados geográficos com o auxílio da ferramenta GeoLoc (Cria, 2016), bem como na eliminação de registros duplicados.

Tabela 1 – Dados de passaporte dos acessos de batata-silvestre conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Batata da Embrapa.

Código	Espécie	Estado	Cidade	Latitude	Longitude
BGB01	<i>S. commersonii</i>	RS	Ijuí	-28.388	-53.915
BGB02	<i>S. commersonii</i>	RS	Pelotas	-31.772	-52.343
BGB03	<i>S. commersonii</i>	RS	Pelotas	-31.772	-52.343
BGB04	<i>S. chacoense</i>	RS	Horizontina	-27.626	-54.308
BGB05	<i>S. commersonii</i>	RS	Pelotas	-31.772	-52.343
BGB06	<i>S. commersonii</i>	RS	Pelotas	-31.772	-52.343
BGB07	<i>S. commersonii</i>	RS	Cristal	-31.003	-52.05
BGB08	<i>S. commersonii</i>	RS	Rio Grande	-32.035	-52.099
BGB09	<i>S. commersonii</i>	RS	Rio Grande	-32.035	-52.099
BGB10	<i>S. commersonii</i>	RS	Camaquã	-30.851	-51.812
BGB11	<i>S. commersonii</i>	RS	Rio Grande	-32.035	-52.099
BGB12	<i>S. commersonii</i>	RS	Caxias	-29.168	-51.179
BGB13	<i>S. commersonii</i>	RS	Pelotas	-31.772	-52.343
BGB14	<i>S. commersonii</i>	RS	Lajeado	-29.467	-51.961
BGB15	<i>S. commersonii</i>	RS	Augusto Pestana	-28.517	-53.992
BGB16	<i>S. commersonii</i>	RS	Santo Ângelo	-28.299	-54.263
BGB17	<i>S. commersonii</i>	RS	Santo Ângelo	-28.299	-54.263
BGB18	<i>S. commersonii</i>	RS	Santo Ângelo	-28.299	-54.263
BGB19	<i>S. commersonii</i>	RS	Santa Rosa	-27.871	-54.481
BGB20	<i>S. commersonii</i>	RS	Porto Xavier	-27.906	-55.138
BGB21	<i>S. commersonii</i>	RS	Horizontina	-27.626	-54.308
BGB22	<i>S. chacoense</i>	RS	Três Passos	-27.456	-53.932
BGB23	<i>S. commersonii</i>	RS	Tenente Portela	-27.371	-53.758
BGB24	<i>S. commersonii</i>	RS	Júlio de Castilhos	-29.227	-53.682
BGB25	<i>S. commersonii</i>	RS	Barra do Ribeiro	-30.291	-51.301
BGB26	<i>S. commersonii</i>	RS	Viamão	-30.081	-51.023
BGB27	<i>S. commersonii</i>	RS	Viamão	-30.081	-51.023
BGB28	<i>S. commersonii</i>	RS	São Lourenço do Sul	-31.365	-51.978
BGB29	<i>S. commersonii</i>	RS	Pelotas	-31.772	-52.343
BGB30	<i>S. commersonii</i>	RS	São Sepé	-30.161	-53.565
BGB31	<i>S. commersonii</i>	RS	São Sepé	-30.161	-53.565
BGB32	<i>S. commersonii</i>	RS	São Sepé	-30.161	-53.565
BGB33	<i>S. commersonii</i>	RS	São Sepé	-30.161	-53.565
BGB34	<i>S. commersonii</i>	RS	Sarandi	-23.444	-51.874
BGB35	<i>S. commersonii</i>	RS	Iraí	-27.194	-53.251
BGB36	<i>S. commersonii</i>	RS	Santo Ângelo	-28.299	-54.263
BGB37	<i>S. commersonii</i>	RS	Capão da Canoa	-29.761	-50.03
BGB38	<i>S. commersonii</i>	RS	Torres	-29.335	-49.727
BGB39	<i>S. commersonii</i>	RS	Osório	-29.887	-50.27
BGB40	<i>S. chacoense</i>	SC	Trombudo Central	-27.299	-49.79
BGB41	<i>S. commersonii</i>	RS	Nova Prata	-28.784	-51.61
BGB42	<i>S. commersonii</i>	RS	Soledade	-28.818	-52.51
BGB43	<i>S. commersonii</i>	RS	Rio Pardo	-29.99	-52.378
BGB44	<i>S. commersonii</i>	RS	Pântano Grande	-30.191	-52.374
BGB45	<i>S. commersonii</i>	RS	Candelária	-29.669	-52.789
BGB46	<i>S. commersonii</i>	RS	Vera Cruz	-29.715	-52.506
BGB47	<i>S. commersonii</i>	RS	Venâncio Aires	-29.606	-52.192
BGB48	<i>S. commersonii</i>	RS	São Sebastião do Cai	-29.587	-51.376
BGB49	<i>S. commersonii</i>	RS	Encruzilhada do Sul	-30.544	-52.522
BGB50	<i>S. commersonii</i>	RS	Encruzilhada do Sul	-30.544	-52.522
BGB51	<i>S. commersonii</i>	RS	Dom Feliciano	-30.704	-52.108
BGB52	<i>S. commersonii</i>	RS	Camaquã	-30.851	-51.812

Continuação

Código	Espécie	Estado	Cidade	Latitude	Longitude
BGB53	<i>S. commersonii</i>	RS	Amaral Ferrador	-30.875	-52.253
BGB54	<i>S. commersonii</i>	RS	Rio Grande	-32.035	-52.099
BGB55	<i>S. commersonii</i>	RS	Rio Grande	-32.035	-52.099
BGB56	<i>S. commersonii</i>	RS	São José do Norte	-32.015	-52.042
BGB57	<i>S. commersonii</i>	RS	São José do Norte	-32.015	-52.042
BGB58	<i>S. commersonii</i>	RS	Mostardas	-31.107	-50.921
BGB59	<i>S. commersonii</i>	RS	Aceguá	-31.331	-54.107
BGB60	<i>S. commersonii</i>	RS	Pedro Osório	-31.864	-52.823
BGB61	<i>S. commersonii</i>	RS	Quaraí	-30.388	-56.451
BGB62	<i>S. commersonii</i>	RS	Quaraí	-30.388	-56.451
BGB63	<i>S. commersonii</i>	RS	Quaraí	-30.388	-56.451
BGB64	<i>S. commersonii</i>	RS	Uruguaiana	-29.755	-57.088
BGB65	<i>S. commersonii</i>	RS	Alegrete	-29.783	-55.792
BGB66	<i>S. commersonii</i>	RS	Alegrete	-29.783	-55.792
BGB67	<i>S. commersonii</i>	RS	Rosário do Sul	-30.258	-54.914
BGB68	<i>S. commersonii</i>	RS	São Gabriel	-30.336	-54.32
BGB69	<i>S. commersonii</i>	RS	São Gabriel	-30.336	-54.32
BGB70	<i>S. commersonii</i>	RS	São Borja	-28.661	-56.004
BGB71	<i>S. commersonii</i>	RS	Encruzilhada do Sul	-30.544	-52.522
BGB72	<i>S. commersonii</i>	RS	Santana da Boa Vista	-30.872	-53.115
BGB73	<i>S. commersonii</i>	RS	Santo Antônio das Missões	-28.511	-55.228
BGB74	<i>S. commersonii</i>	RS	Jaguari	-29.497	-54.69
BGB75	<i>S. commersonii</i>	RS	Santiago	-29.192	-54.867
BGB76	<i>S. commersonii</i>	RS	Ibiraiaras	-28.37	-51.636
BGB77	<i>S. commersonii</i>	RS	Pejuçara	-28.423	-53.656
BGB78	<i>S. commersonii</i>	RS	Augusto Pestana	-28.517	-53.992
BGB79	<i>S. commersonii</i>	RS	Entre Ijuís	-28.36	-54.268
BGB80	<i>S. commersonii</i>	RS	São Miguel das Missões	-28.563	-54.554
BGB81	<i>S. commersonii</i>	RS	São Luiz Gonzaga	-28.408	-54.961
BGB82	<i>S. commersonii</i>	RS	Guarani das Missões	-28.141	-54.558
BGB83	<i>S. chacoense</i>	SC	Xanxerê	-26.877	-52.404
BGB84	<i>S. commersonii</i>	RS	Pelotas	-31.772	-52.343
BGB85	<i>S. commersonii</i>	RS	Hulha Negra	-31.404	-53.869
BGB86	<i>S. calvescens</i>	MG	Andradas	-22.115	-46.487

Para modelar a distribuição das espécies, foi selecionado um conjunto de variáveis ambientais com uma resolução espacial de 5 km de diferentes bases de dados. Dezenove variáveis climáticas foram obtidas do WorldClim versão 1.4, (HIJMANS et al. 2005) (<http://www.worldclim.org>). Para reduzir a redundância de dados e evitar a multicolinearidade, as variáveis com coeficientes de correlação de Pearson $\geq 0,70$ entre pares foram excluídas das análises (GRAHAM, 2003; DORMANN et al., 2013).

Para elaboração dos arquivos com as áreas geográficas prioritárias para coleta para cada espécie, foi utilizado o aplicativo R (versão 3.2.4) (<https://www.r-project.org/>). Para determinação das áreas com potencial de ocorrência das

espécies nativas de batata comparou-se as modelagens de nichos ambientais das espécies com a distribuição geográfica dos locais de coleta de coleções de germoplasma existentes, estimadas pela criação de tampões circulares de 50 km (CA50) ao redor de cada local onde a amostra foi coletada. Por fim, foi possível estimar uma pontuação de prioridade final (FPS - Final Priority Score). Foram utilizadas quatro categorias para atribuir prioridade à coleta adicional para conservação *ex situ*: espécies de alta prioridade (SPH); espécies de prioridade média (MPS) e espécies de baixa prioridade (LPS). Os arquivos de camadas gerados (*shapes*) foram editados no aplicativo Diva-GIS 7.5 para apresentação dos resultados.

2.3 Resultados

A partir da consulta a bancos de dados, herbários e bancos de germoplasma, foi possível levantar 655 registros relativos aos pontos de ocorrência no país para as três espécies de batatas nativas do Brasil, dos quais 294 são registros de localidade únicos (Tabela 2). Em relação a *S. commersonii*, foram levantados 546 pontos de ocorrência (herbários + banco de germoplasma), sendo que, analisados posteriormente, esse número decresceu para 227, visto que 319 desses pontos são valores que correspondem a uma mesma coordenada geográfica (Figura 1).

Tabela 2 – Registros de localidades relativos aos pontos de ocorrência para as três espécies de batatas nativas do Brasil obtidos a partir da consulta a bancos de dados de herbários (acrônimos de acordo com THIERS 2017) e de vouchers (ECT) do Banco de Germoplasma de Batata da Embrapa.

Espécie	Longitude	Latitude	Origem
<i>S. calvescens</i>	-45.97	-21.43	BM
<i>S. calvescens</i>	-46.38	-21.92	BM
<i>S. calvescens</i>	-46.42	-21.93	BM
<i>S. calvescens</i>	-46.39	-21.92	S
<i>S. chacoense</i>	-54.08	-25.28	BM
<i>S. chacoense</i>	-52.42	-25.70	BM
<i>S. chacoense</i>	-51.41	-26.32	BM
<i>S. chacoense</i>	-52.07	-25.42	MO
<i>S. chacoense</i>	-53.47	-24.95	BM
<i>S. chacoense</i>	-53.85	-25.15	BM
<i>S. chacoense</i>	-52.50	-23.40	NY
<i>S. chacoense</i>	-51.98	-23.92	MBM, UPGB
<i>S. chacoense</i>	-52.45	-23.40	NY

Continuação

Espécie	Longitude	Latitude	Origem
<i>S. chacoense</i>	-51.47	-25.39	BM
<i>S. chacoense</i>	-51.46	-25.40	MBM, NY
<i>S. chacoense</i>	-50.86	-25.01	BM
<i>S. chacoense</i>	-50.24	-23.43	RB
<i>S. chacoense</i>	-50.25	-23.44	CESJ, FUEL, FURB, HUICS, MBM, RB
<i>S. chacoense</i>	-52.42	-25.42	BM
<i>S. chacoense</i>	-52.42	-25.41	BM, MBM
<i>S. chacoense</i>	-52.42	-25.41	M, MBM
<i>S. chacoense</i>	-52.57	-26.35	NY
<i>S. chacoense</i>	-52.55	-26.33	BM, MBM, UPCB
<i>S. chacoense</i>	-52.56	-26.35	NY
<i>S. chacoense</i>	-51.99	-26.48	MBM
<i>S. chacoense</i>	-50.16	-25.10	BM
<i>S. chacoense</i>	-52.01	-26.88	BM
<i>S. chacoense</i>	-53.80	-27.67	L
<i>S. chacoense</i>	-51.25	-29.39	LEB
<i>S. chacoense</i>	-51.16	-29.30	LEB
<i>S. chacoense</i>	-54.10	-27.50	ICN
<i>S. chacoense</i>	-53.86	-27.26	PACA
<i>S. chacoense</i>	-51.34	-29.23	LEB
<i>S. chacoense</i>	-51.30	-29.20	UNEX
<i>S. chacoense</i>	-54.31	-27.63	ICN
<i>S. chacoense</i>	-51.64	-28.37	ECT
<i>S. chacoense</i>	-51.20	-30.07	ECT
<i>S. chacoense</i>	-53.76	-27.37	ICN
<i>S. chacoense</i>	-53.93	-27.46	ECT
<i>S. chacoense</i>	-53.93	-27.45	BM
<i>S. chacoense</i>	-54.00	-27.47	ICN
<i>S. chacoense</i>	-50.27	-27.12	BM
<i>S. chacoense</i>	-49.05	-26.93	BM, F
<i>S. chacoense</i>	-49.09	-26.89	BM
<i>S. chacoense</i>	-49.07	-26.92	BM, P, WU
<i>S. chacoense</i>	-48.92	-27.13	HBR, US
<i>S. chacoense</i>	-51.22	-27.40	HBR, NY
<i>S. chacoense</i>	-52.62	-27.10	US
<i>S. chacoense</i>	-52.65	-27.12	ICN
<i>S. chacoense</i>	-50.70	-26.93	BM, HBR
<i>S. chacoense</i>	-51.27	-26.42	BHCB, ICN
<i>S. chacoense</i>	-52.42	-27.16	RB
<i>S. chacoense</i>	-49.32	-28.26	FURB
<i>S. chacoense</i>	-51.20	-27.40	BM
<i>S. chacoense</i>	-53.50	-26.87	RB
<i>S. chacoense</i>	-52.95	-26.80	BM, RB, UFG
<i>S. chacoense</i>	-49.64	-27.21	FLOR, HBR

Continuação

Espécie	Longitude	Latitude	Origem
<i>S. chacoense</i>	-49.58	-27.20	NY
<i>S. chacoense</i>	-49.65	-27.22	BM, FLOR, NY
<i>S. chacoense</i>	-50.46	-27.20	ICN
<i>S. chacoense</i>	-49.75	-28.31	HBR
<i>S. chacoense</i>	-49.81	-28.27	US
<i>S. chacoense</i>	-49.70	-27.25	ICN
<i>S. chacoense</i>	-52.70	-29.61	ECT
<i>S. commersonii</i>	-49.23	-25.33	CPAP
<i>S. commersonii</i>	-56.00	-28.65	BM
<i>S. commersonii</i>	-54.55	-28.53	BM
<i>S. commersonii</i>	-54.12	-27.50	BM
<i>S. commersonii</i>	-56.68	-29.38	BM
<i>S. commersonii</i>	-55.51	-29.92	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.26	-30.88	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.73	-30.08	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.83	-32.35	BM
<i>S. commersonii</i>	-53.98	-28.50	ECT
<i>S. commersonii</i>	-54.12	-31.34	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.82	-31.85	BM
<i>S. commersonii</i>	-57.55	-30.21	MPUC
<i>S. commersonii</i>	-51.30	-30.30	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.45	-27.67	MPUC
<i>S. commersonii</i>	-53.49	-30.51	ICN
<i>S. commersonii</i>	-53.50	-30.50	BM
<i>S. commersonii</i>	-52.89	-30.04	HPL
<i>S. commersonii</i>	-52.92	-30.04	NY
<i>S. commersonii</i>	-51.09	-29.95	PACA
<i>S. commersonii</i>	-50.14	-29.05	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.80	-29.67	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.18	-29.92	MPUC
<i>S. commersonii</i>	-51.20	-29.31	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.11	-29.13	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.18	-29.17	BM, HUCS
<i>S. commersonii</i>	-51.18	-29.16	LEB
<i>S. commersonii</i>	-51.10	-29.10	UNEX
<i>S. commersonii</i>	-51.40	-27.30	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.12	-27.49	ICN
<i>S. commersonii</i>	-53.61	-28.64	ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.27	-28.35	ECT
<i>S. commersonii</i>	-54.38	-27.97	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.27	-27.63	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.35	-29.23	BM, G, HUCS
<i>S. commersonii</i>	-51.40	-29.94	BHCB, UEC
<i>S. commersonii</i>	-54.35	-28.03	BM, ICN

Continuação

Espécie	Longitude	Latitude	Origem
<i>S. commersonii</i>	-51.33	-30.11	ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.56	-28.14	ECT
<i>S. commersonii</i>	-53.92	-28.38	BM
<i>S. commersonii</i>	-53.92	-28.39	ICN
<i>S. commersonii</i>	-53.92	-28.39	BM, F, MO, US
<i>S. commersonii</i>	-54.69	-29.50	ECT
<i>S. commersonii</i>	-53.68	-29.22	L
<i>S. commersonii</i>	-52.18	-29.19	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.40	-29.63	P
<i>S. commersonii</i>	-51.46	-29.69	PACA
<i>S. commersonii</i>	-50.76	-30.93	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.61	-28.79	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.88	-31.88	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.33	-31.77	BM
<i>S. commersonii</i>	-52.34	-31.76	NY
<i>S. commersonii</i>	-52.44	-31.68	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.51	-31.61	ECT
<i>S. commersonii</i>	-53.31	-31.58	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.22	-29.73	ECT
<i>S. commersonii</i>	-56.45	-30.38	BM
<i>S. commersonii</i>	-51.20	-30.03	BM
<i>S. commersonii</i>	-51.24	-30.02	MPUC
<i>S. commersonii</i>	-51.18	-29.93	BM
<i>S. commersonii</i>	-51.26	-29.98	BM
<i>S. commersonii</i>	-56.45	-30.39	ICN
<i>S. commersonii</i>	-56.46	-30.39	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.50	-32.55	HUCS
<i>S. commersonii</i>	-52.31	-31.93	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.11	-32.05	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.41	-32.27	ECT
<i>S. commersonii</i>	-54.33	-30.14	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-53.81	-29.68	ICN
<i>S. commersonii</i>	-53.83	-29.68	ECT
<i>S. commersonii</i>	-53.80	-29.68	BM
<i>S. commersonii</i>	-53.32	-33.46	ECT
<i>S. commersonii</i>	-53.08	-30.97	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-53.44	-31.45	PEL
<i>S. commersonii</i>	-52.84	-30.74	ECT
<i>S. commersonii</i>	-54.87	-29.19	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.89	-29.94	ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.26	-28.30	ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.27	-28.34	ECT
<i>S. commersonii</i>	-54.27	-28.31	RB

Continuação

Espécie	Longitude	Latitude	Origem
<i>S. commersonii</i>	-55.23	-28.51	ICN
<i>S. commersonii</i>	-55.83	-28.64	ICN
<i>S. commersonii</i>	-55.96	-28.66	ECT
<i>S. commersonii</i>	-50.58	-29.45	HUCS, ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.32	-30.33	BM
<i>S. commersonii</i>	-51.74	-29.97	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.57	-31.78	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.15	-29.75	NY
<i>S. commersonii</i>	-51.18	-29.73	NY
<i>S. commersonii</i>	-51.15	-29.77	BM, NY
<i>S. commersonii</i>	-51.15	-29.76	PACA
<i>S. commersonii</i>	-54.56	-28.49	ICN
<i>S. commersonii</i>	-55.27	-28.18	MPUC
<i>S. commersonii</i>	-51.39	-29.58	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.38	-29.59	ECT
<i>S. commersonii</i>	-53.57	-30.16	ECT
<i>S. commersonii</i>	-53.02	-29.42	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.51	-28.83	ECT
<i>S. commersonii</i>	-50.07	-29.59	BHCB
<i>S. commersonii</i>	-49.74	-29.36	ICN
<i>S. commersonii</i>	-50.13	-29.98	HAS
<i>S. commersonii</i>	-57.09	-29.75	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.50	-29.72	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.02	-30.28	MPUC
<i>S. commersonii</i>	-51.02	-30.07	ICN
<i>S. commersonii</i>	-48.99	-27.58	HBR
<i>S. commersonii</i>	-49.08	-27.50	BHCB, FURB
<i>S. commersonii</i>	-49.06	-26.92	FURB
<i>S. commersonii</i>	-50.58	-27.28	IAC, BHCB
<i>S. commersonii</i>	-49.02	-28.60	CRI
<i>S. commersonii</i>	-49.37	-28.94	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.92	-26.82	FURB
<i>S. commersonii</i>	-49.10	-27.42	PACA
<i>S. commersonii</i>	-49.21	-26.76	FURB
<i>S. commersonii</i>	-52.40	-26.87	FURB
<i>S. commersonii</i>	-50.27	-29.90	BM
<i>S. commersonii</i>	-54.77	-27.66	ECT
<i>S. commersonii</i>	-55.71	-29.80	ICN
<i>S. commersonii</i>	-56.22	-30.02	ECT
<i>S. commersonii</i>	-53.09	-32.24	ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.11	-31.33	ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.12	-31.32	ICN
<i>S. commersonii</i>	-51.30	-30.29	ICN
<i>S. commersonii</i>	-50.42	-28.67	ICN

Continuação

Espécie	Longitude	Latitude	Origem
<i>S. commersonii</i>	-51.96	-30.12	ICN
<i>S. commersonii</i>	-53.35	-30.30	ECT
<i>S. commersonii</i>	-54.82	-29.88	BM, ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.90	-30.03	BM, ICN, NY
<i>S. commersonii</i>	-51.81	-30.85	ICN
<i>S. commersonii</i>	-50.82	-29.37	PACA
<i>S. commersonii</i>	-52.75	-31.50	ICN
<i>S. commersonii</i>	-50.01	-29.75	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.41	-31.80	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.55	-31.84	PEL
<i>S. commersonii</i>	-52.80	-28.30	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.15	-32.18	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-51.16	-29.14	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.05	-31.00	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.06	-31.01	ECT
<i>S. commersonii</i>	-53.61	-28.65	ICN
<i>S. commersonii</i>	-49.94	-29.62	ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.67	-30.98	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.52	-30.54	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.52	-30.53	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-51.18	-29.86	PACA
<i>S. commersonii</i>	-50.99	-29.94	PACA
<i>S. commersonii</i>	-51.50	-30.12	BM, ICN
<i>S. commersonii</i>	-53.40	-32.02	ICN
<i>S. commersonii</i>	-55.33	-27.97	BM
<i>S. commersonii</i>	-53.91	-28.39	S
<i>S. commersonii</i>	-56.55	-29.13	ICN
<i>S. commersonii</i>	-53.68	-29.23	BM, ICN
<i>S. commersonii</i>	-51.53	-28.21	ICN
<i>S. commersonii</i>	-51.40	-29.65	BM, PACA
<i>S. commersonii</i>	-50.92	-31.11	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.82	-28.46	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.77	-27.36	PACA
<i>S. commersonii</i>	-51.11	-29.38	ICN
<i>S. commersonii</i>	-51.61	-28.78	ICN
<i>S. commersonii</i>	-50.27	-29.89	ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.70	-28.29	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.37	-30.19	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.35	-30.19	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.37	-30.16	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.41	-28.26	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.82	-31.86	ICN
<i>S. commersonii</i>	-53.66	-28.42	ECT

Continuação

Espécie	Longitude	Latitude	Origem
<i>S. commersonii</i>	-53.38	-31.58	ICN
<i>S. commersonii</i>	-53.10	-31.45	ICN
<i>S. commersonii</i>	-51.24	-29.70	ICN
<i>S. commersonii</i>	-51.12	-30.05	HAS
<i>S. commersonii</i>	-51.23	-30.03	PACA
<i>S. commersonii</i>	-55.02	-27.85	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.84	-27.83	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.67	-27.57	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-55.09	-27.89	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-55.13	-27.90	ECT
<i>S. commersonii</i>	-56.52	-30.18	BM, HUCS, PACA
<i>S. commersonii</i>	-52.58	-32.50	BM, HAS
<i>S. commersonii</i>	-52.10	-32.04	HDCF
<i>S. commersonii</i>	-52.38	-29.99	ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.92	-30.25	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.43	-29.72	ICN, HUNISC
<i>S. commersonii</i>	-54.48	-27.88	ECT
<i>S. commersonii</i>	-53.36	-33.52	ECT
<i>S. commersonii</i>	-53.37	-33.52	HAS
<i>S. commersonii</i>	-53.12	-30.87	ICN
<i>S. commersonii</i>	-55.53	-30.89	ICN
<i>S. commersonii</i>	-55.29	-30.76	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.30	-28.20	ECT
<i>S. commersonii</i>	-56.00	-28.66	ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.52	-30.26	ECT
<i>S. commersonii</i>	-54.32	-30.34	L, HAS
<i>S. commersonii</i>	-51.72	-29.96	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.04	-32.01	ICN
<i>S. commersonii</i>	-51.13	-31.40	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.98	-31.37	HAS
<i>S. commersonii</i>	-54.96	-28.41	ECT
<i>S. commersonii</i>	-54.30	-28.30	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-54.56	-28.55	ECT
<i>S. commersonii</i>	-51.15	-29.82	PACA
<i>S. commersonii</i>	-52.51	-28.82	HAS
<i>S. commersonii</i>	-51.40	-30.67	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.00	-32.00	BM, HAS
<i>S. commersonii</i>	-49.70	-29.35	ECT
<i>S. commersonii</i>	-49.73	-29.34	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.67	-29.62	ICN
<i>S. commersonii</i>	-56.72	-29.50	ECT
<i>S. commersonii</i>	-57.08	-29.77	ECT
<i>S. commersonii</i>	-50.93	-28.51	ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.19	-29.61	ICN

Continuação

Espécie	Longitude	Latitude	Origem
<i>S. commersonii</i>	-52.20	-29.65	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.51	-29.71	ICN
<i>S. commersonii</i>	-51.04	-30.09	PACA
<i>S. commersonii</i>	-51.02	-30.08	ICN
<i>S. commersonii</i>	-48.98	-27.58	BM, MO, HBR
<i>S. commersonii</i>	-49.22	-28.50	BM, HBR
<i>S. commersonii</i>	-50.32	-27.80	BM, MBM
<i>S. commersonii</i>	-49.41	-28.93	ICN
<i>S. commersonii</i>	-50.33	-27.82	ICN
<i>S. commersonii</i>	-49.87	-27.95	HBR
<i>S. commersonii</i>	-49.04	-28.31	BM
<i>S. commersonii</i>	-49.01	-28.47	B, F, HBG, MO, P
<i>S. chacoense</i>	-49.72	-29.34	ECT
<i>S. chacoense</i>	-51.00	-30.09	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.34	-31.77	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-51.02	-30.09	ECT
<i>S. commersonii</i>	-52.61	-32.38	ECT
<i>S. commersonii</i>	-53.75	-27.39	ECT, ICN
<i>S. commersonii</i>	-52.44	-31.63	ECT, ICN

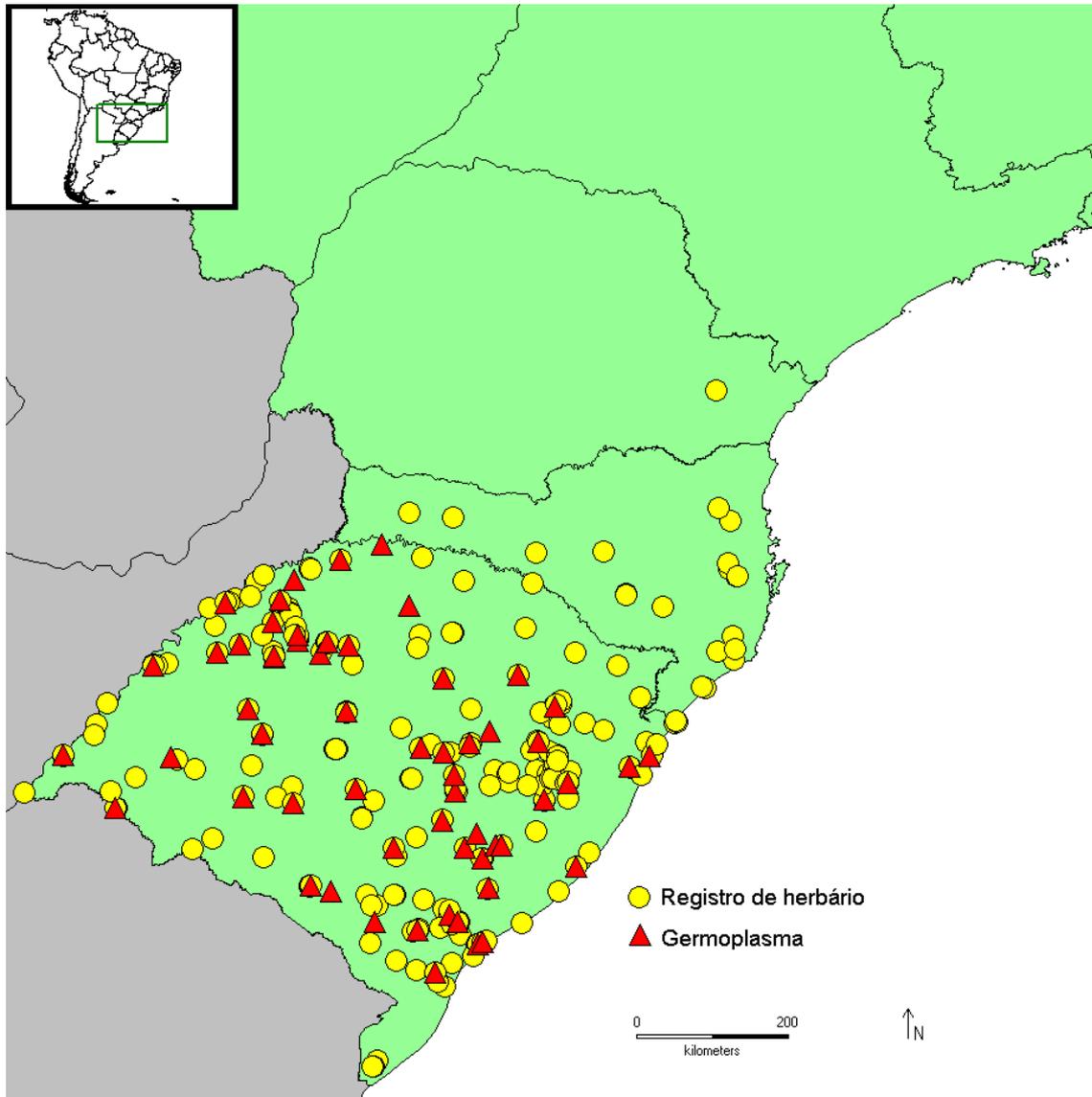


Figura 1 – Registros de ocorrência de *Solanum commersonii* em herbários em relação a localidade de origem dos acessos conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Batata da Embrapa.

Da mesma forma, para *S. chacoense*, inicialmente foram levantados 99 pontos de ocorrência, porém 38 desses pontos eram provenientes da mesma localização, desse modo, o valor final de pontos levantados para a espécie foi 61 (Figura 2).

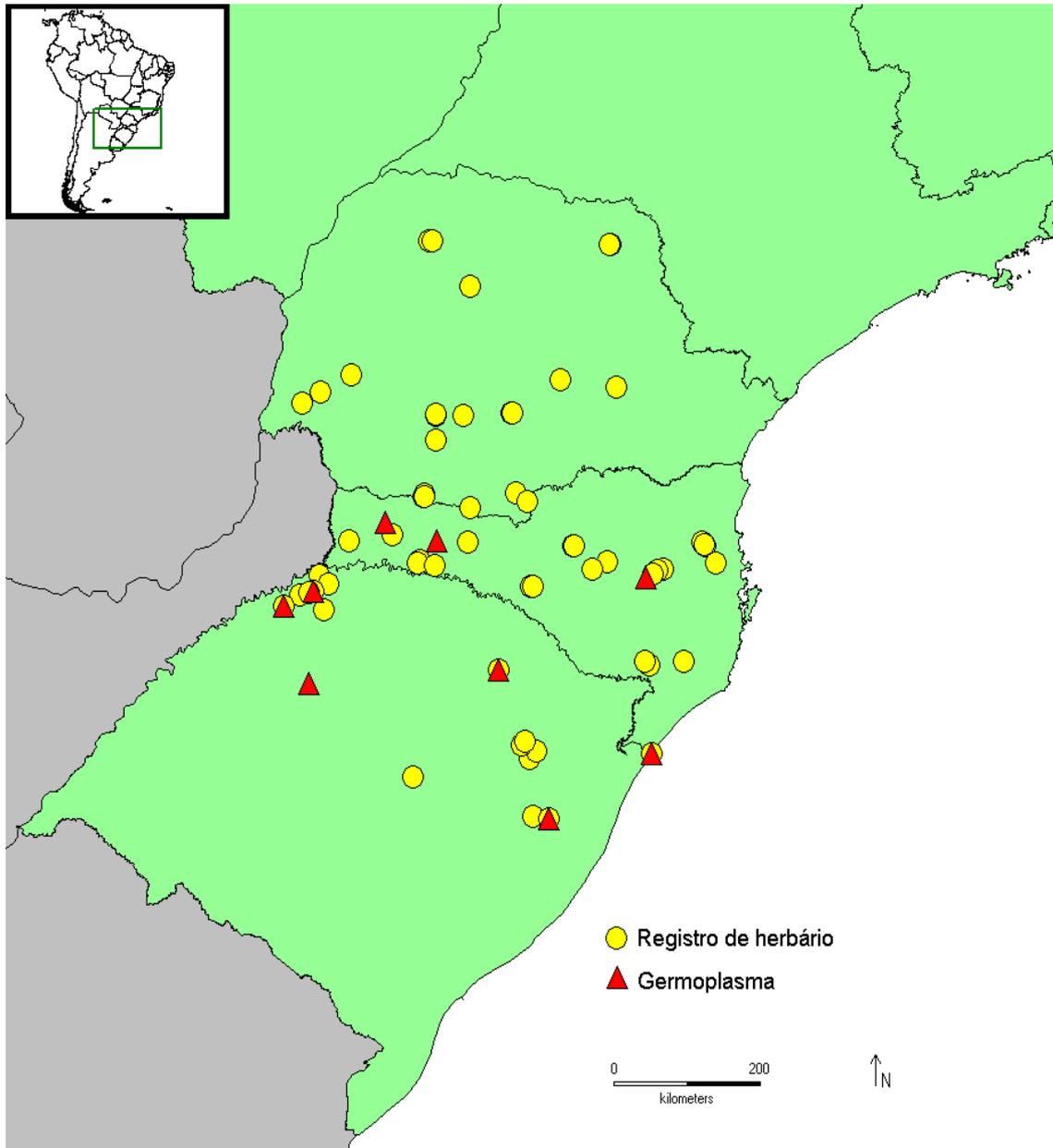


Figura 2 – Registros de ocorrência de *Solanum chacoense* em herbários em relação a localidade de origem dos acessos conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Batata da Embrapa.

Para *S. calvescens* foram levantados dez registros, que mais tarde por meio de análise verificou-se a existência de seis registros duplicados, desse modo, foram obtidos quatro registros de ocorrência para a espécie (Figura 3).

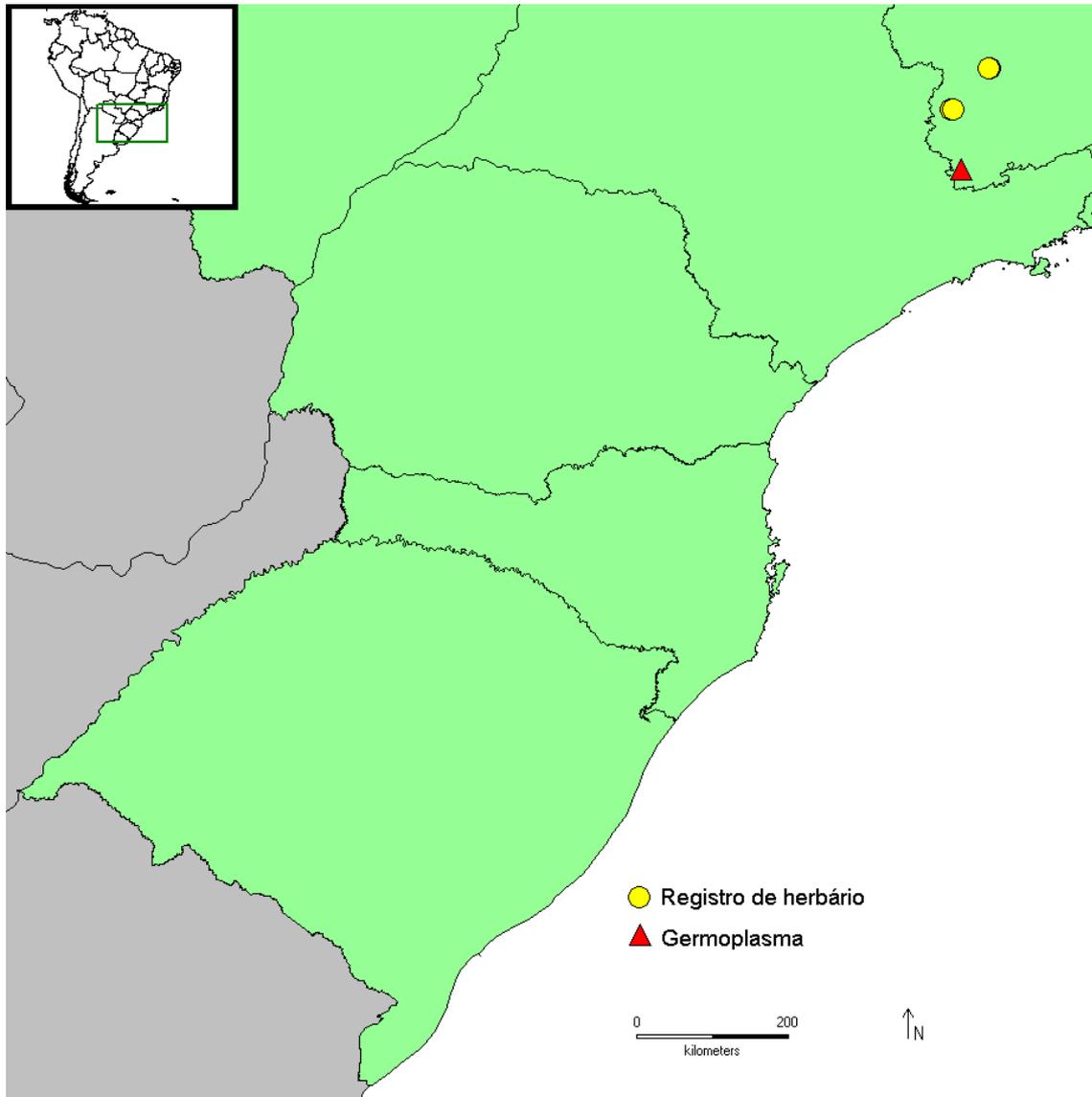


Figura 3 – Registros de ocorrência de *Solanum calvescens* em herbários em relação a localidade de origem dos acessos conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Batata da Embrapa.

A comparação do modelo de distribuição obtido da análise dos pontos de ocorrência oriundos dos diversos bancos de dados com os pontos dos acessos do banco de germoplasma por meio da *Gap Analysis* resultou em um mapa evidenciando regiões não amostradas (Figura 4), com áreas de potencial ocorrência para as três espécies de batata nativas. As regiões destacadas são as áreas prioritárias para a coleta de germoplasma de parentes silvestres de batata no Brasil, onde a ocorrência dessas espécies é provável, mas a amostragem no banco de germoplasma da Embrapa é deficiente e precisa ser complementada.

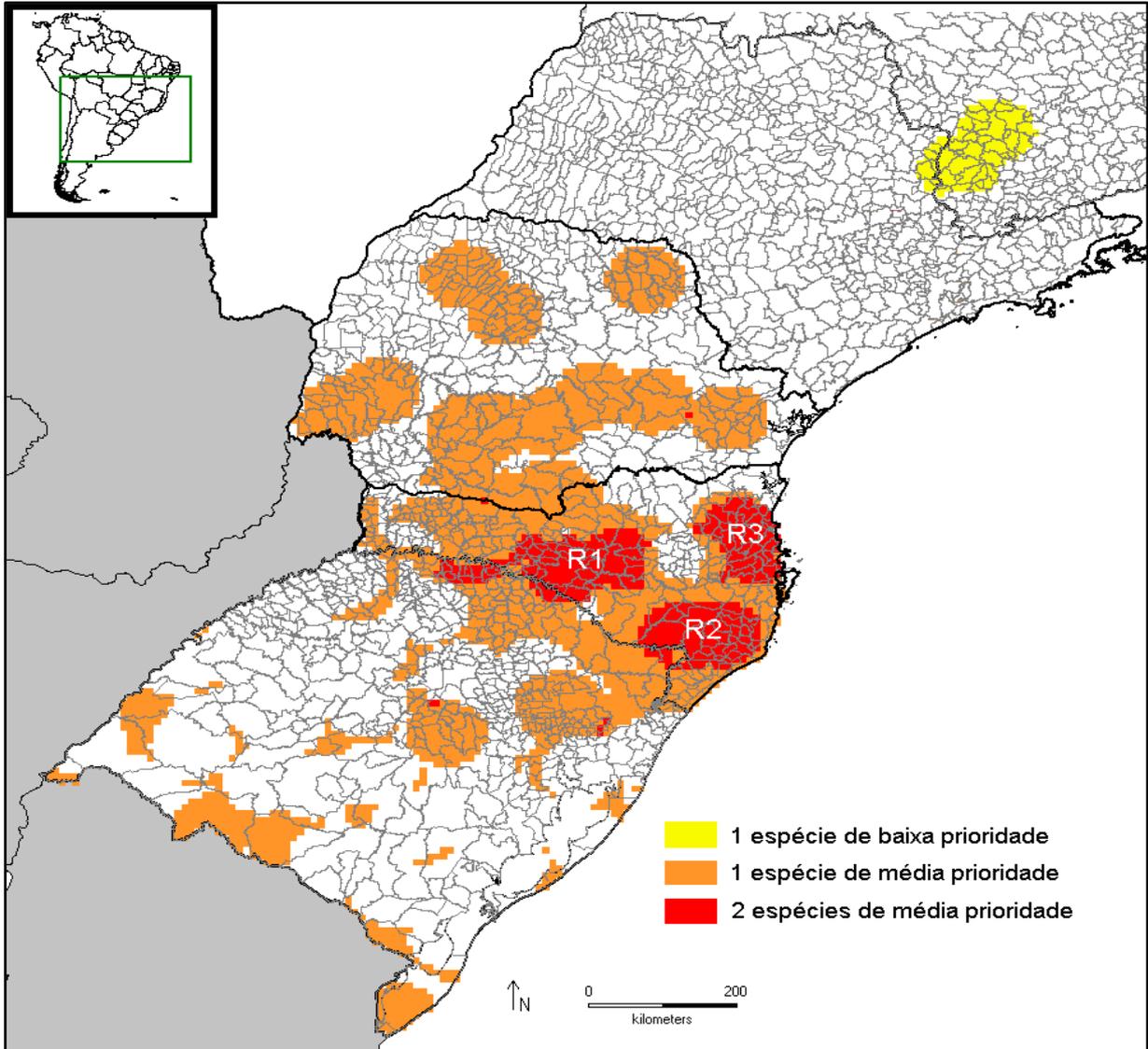


Figura 4 - Áreas prioritárias para a coleta de germoplasma de parentes silvestres de batata no Brasil (R1, R2, R3) de acordo com resultados da análise de lacunas (*Gap Analysis*).

Existem áreas localizadas em cinco estados brasileiros (RS, SC, PR, SP e MG), amostradas em herbários, mas que ainda não estão amostradas por meio de coleta e introdução de novos acessos no BAG de Batata. Sobretudo com referência ao estado de Santa Catarina que possui três regiões com sobreposição de espécies. A Região 1 (R1), abrange majoritariamente 29 municípios no estado de SC e 11 municípios no estado do RS, enquanto a R2 abrange 20 municípios em SC e dois no RS, e, por fim, a R3 compreende 29 municípios localizados em SC (Tabela 3). Essas regiões são classificadas com alta possibilidade de ocorrência de uma ou duas espécies de média prioridade para coleta e que podem ser de acordo com a distribuição na Região Sul do Brasil, *S. chacoense* ou *S. commersonii*.

Além das três áreas prioritárias para a coleta de germoplasma na Região Sul do Brasil, abrangendo áreas potenciais de distribuição de *S. chacoense* e *S. commersonii*, convém destacar que em relação à *S. calvescens*, que *a priori* possui distribuição exclusivamente no estado de Minas Gerais, baseado em dados de ocorrência anteriormente levantados, a análise ressaltou a existência de uma área com probabilidade de presença de novas populações ainda não verificada a campo, dessa espécie na microrregião de São João da Boa Vista no estado de São Paulo.

Tabela 3 – Relação dos municípios abrangidos pelas três áreas prioritárias para coleta de germoplasma de batata nos estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina.

Região	Municípios
R1	<p>RS: Aratiba, Barão de Cotegipe, Barra do Rio Azul Barracão, Benjamin Constant do Sul, Machadinho, Marcelino Ramos, Mariano Moro, São Valentim, Severiano de Almeida Três Arroios</p> <p>SC: Abdon Batista, Água Doce, Anita Garibaldi, Bom Retiro, Brunópolis, Campos Novos, Capinzal, Catanduvas, Celso Ramos, Cerro Negro, Concórdia, Correia Pinto, Curitibanos, Erval Velho, Fraiburgo, Herval d'Oeste, Ibacaré, Ibiam, Lebon Régis, Ouro, Ponte Alta, Ponte Alta do Norte, Presidente Castelo Branco, Santa Cecília, São Cristovão do Sul, São José do Cerrito, Taió, Vargem, Videira, Zortéa</p>
R2	<p>RS: Bom Jesus, São José dos Ausentes</p> <p>SC: Anitápolis, Armazém, Bom Jardim da Serra, Capivari de Baixo, Cocal do Sul, Içara, Jaguaruna, Lauro Muller, Morro Grande Pedras Grandes, Pescaria Brava, Rio Fortuna, Santa Rosa de Lima, São Martinho, Treviso, Treze de Maio, Tubarão, Urubici, Urupema, Urussanga</p>
R3	<p>SC: Angelina, Antônio Carlos, Balneário Piçarras Barra Velha, Benedito Novo, Biguaçu Blumenau, Botuverá, Brusque, Camboriú, Gaspar, Governador Celso Ramos, Guabiruba, Guaramirim, Ilhota, Indaial, Itajaí, Itapema, Leoberto Leal, Luís Alves, Major Cernino, Massaranduba, Navegantes, Nova Trento, Pomerode, Rio dos Cedros, São João Batista, São João do Itaperu, Tijucas</p>

No estado do Paraná, também se observa a existência de microrregiões como Guarapuava, Prudentópolis, Foz do Iguaçu, Cascavel, Ponta Grossa e Cianorte, como as principais áreas com probabilidade de ocorrência de espécies silvestres de batata nativas do Brasil. A maior parte dessas áreas corresponde a distribuição potencial de *S. chacoense*. A maioria dos acessos de batatas nativas que compõem o BAG são oriundos de expedições de coleta realizadas no RS iniciadas na década de 80 por uma equipe de pesquisadores, que resultou numa grande variedade de genótipos coletados. No entanto, conforme a Figura 4 ainda existem regiões que apresentam deficiência de amostragem, principalmente com relação as microrregiões de Erechim, Sananduva e Vacaria no norte do estado, como também nas microrregiões da Campanha Central/Meridional e Litoral Lagunar no limite com o Uruguai.

2.4 Discussão

Modelos de nicho ecológico são basicamente gerados a partir de um conjunto de registros de localidades onde se sabe que a espécie ocorre e também a partir de um conjunto de variáveis ambientais (ex. topografia, temperatura) que afetam diretamente a distribuição das espécies. Com base nos trabalhos mais recentes sobre o assunto (Ramirez-Villegaz, 2010; Castañeda, 2015), por meio da metodologia da análise de lacunas, foram analisadas as três espécies de batata-silvestres no Brasil, atribuindo um valor relacionado a prioridade de coleta relacionado sobretudo a representatividade em Bancos de Germoplasma, ocorrendo distinção entre as espécies, pois *S. chacoense* e *S. commersoni* foram apontadas como espécies de média prioridade, enquanto *S. calvescens* foi considerada como de baixa prioridade pela análise.

Segundo Castañeda (2015), que levantou 32 espécies de batata-silvestre indicadas como espécie de alta prioridade (*High Priority Species* – HPS), entre elas, existiam diferentes fatores que contribuíram de forma importante para determinar a pontuação final de Prioridade (*Final Priority Score* – FPS), onde a maioria apresentou pontuação de representação de amostragem (*Sampling Representativeness Score* - SRS) baixo ou seja, igual ou menor que 3, além de baixa pontuação de representação geográfica (*Geographic Representativeness Score* – GRS). Isto significa baixos valores em relação à representatividade de

amostragem e também menores pontuações relacionadas a representatividade geográfica.

Castañeda (2015) observou ainda que as espécies pontuadas como baixa prioridade de coleta (*Low Priority Species* – LPS) são aquelas amplamente utilizadas em programas de melhoramento. O que de fato não é o caso da espécie *S. calvescens*, pois até o momento não existe nenhum relato de utilização dessa espécie no melhoramento genético da espécie cultivada.

Ramirez-Vilegaz et al. (2010) quando aplicaram a metodologia ao gênero *Phaseolus* L. advertiram que a raridade da espécie não foi um fator adicionado na análise devido à dificuldade de amostragem, porém, o mesmo poderia ser útil e com certeza influenciaria o resultado exposto. Outra consideração é pelo fato de que espécies endêmicas não ocorrem em uma ampla extensão geográfica, não havendo plasticidade genética, ou em outras palavras, provavelmente dentro de populações endêmicas como *S. calvescens* não ocorra a variabilidade genética esperada quando comparada com as outras espécies de ampla ocorrência como *S. chacoense* e *S. commersonii*.

Objetivando ações para coleta e conservação dos recursos genéticos silvestres desse importante cultivo, e por consequência propiciar um aumento na variabilidade genética de bancos de germoplasma, propõem-se três regiões ou *hotspots* (figuras 4, tabela 3) como prioritárias para coleta no Brasil, pois são áreas geográficas com potencial de ocorrência de populações das duas espécies de média prioridade (*S. chacoense* e *S. commersonii*), ainda não conservados em bancos de germoplasma da Embrapa.

Todas as três regiões de sobreposição de espécies possuem a maior parte da área no estado de Santa Catarina. Materiais genéticos inéditos também estão localizados ao longo da Região Sul do Brasil, distribuídos pelos estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul, demarcados por laranja na Figura 4. Isto significa que, nestes locais, baseado na modelagem potencial das espécies obtida por meio da comparação de dados de ocorrência com um conjunto de variáveis ambientais, é provável que ocorra pelo menos uma entre as duas espécies de média prioridade.

No caso específico de *S. calvescens* com distribuição restrita localizada ao sul do estado de Minas Gerais, representado na análise com um acesso conservado no Banco de Germoplasma da Embrapa, e desse modo considerada pela *Gap Analysis*

como bem conservada (baixa prioridade de coleta “LPS”), devido a proporcionalidade de três registros de ocorrência para um acesso conservado, indicam-se, a adoção de diferentes estratégias que não apenas a coleta do material em seu habitat, mas também a conservação *in situ*.

Neste caso, o estabelecimento de reservas genéticas se torna a alternativa mais eficaz para conservação das espécies silvestres *in situ*, tendo em vista a restrita ocorrência. Segundo Castañeda (2015), regiões adequadas para reservas genéticas seriam locais com ocorrência de espécies com alta prioridade de coleta (HPS) e, ou, regiões com sobreposição de ocorrência de espécies de batata-silvestre consideradas como média prioridade de coleta (MPS), especialmente se coincidem com áreas protegidas ou habitats sujeitos a distúrbios significativos. Dessa maneira, *S. calvescens* por se tratar de uma espécie rara e de ocorrência em um ambiente restringido, apesar de ter sido considerada como baixa prioridade de coleta, é deficiente de ações para conservação *in situ*. Informações adicionais, como fatores de ameaça e grau de endemismo podem aprimorar a categorização de prioridade de coleta, ou promover estratégias de conservação mais eficientes.

Além do preenchimento de lacunas coletando espécies sub-representadas em coleções de germoplasma, estudos futuros incorporando novas análises, como por exemplo a utilização de marcadores moleculares, são apontados por Castañeda et al. (2015), para elucidar as distâncias e divergência genética dentro das populações.

Acredita-se que a necessidade de maior utilização das espécies silvestres aumente, em função dos constantes esforços para obtenção de genótipos superiores de batata visando o enfrentamento dos desafios previstos, sejam eles bióticos ou abióticos, e neste aspecto o uso da diversidade se faz extremamente importante. Portanto, frente aos riscos iminentes de extinção dessa biodiversidade, seja pelos processos de urbanização, ou pela maior utilização de áreas destinadas a agricultura, é essencial que se dedique suficientes esforços à coleta e conservação de germoplasma de parentes silvestres da batata cultivada, de modo a torná-los disponíveis para uso pelos programas de pesquisa que objetivem a obtenção de cultivares capazes de superar os desafios que envolvem o futuro da agricultura.

2.5 Conclusão

A metodologia da *Gap Analysis* aplicada à distribuição das espécies de batatas nativas do Brasil se mostra eficiente na delimitação de áreas prioritárias para coleta de germoplasma de batata-silvestre. Três regiões principais estão identificadas como prioritárias para coleta, por apresentarem a sobreposição de *S. commersonii* e *S. chacoense* não amostradas em coleções de germoplasma. E, para *S. calvescens*, possuidora de estreita ocorrência, a escolha por coleta ou conservação *in situ* deve dar-se pela investigação e descoberta de novas populações

3. VARIABILIDADE DE ACESSOS DE BATATA-SILVESTRE DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA

3.1 Introdução

A utilização de recursos genéticos na obtenção de genótipos superiores pode implicar em vantagens econômicas, sociais e ambientais incalculáveis à uma nação, sobretudo ao Brasil, o país com maior biodiversidade do mundo (MMA, 2016). De acordo com Collares et. al (2002), o estreito relacionamento genético existente entre as cultivares de batata modernas, indica a necessidade de cruzar genótipos que apresentam divergência genética. A seleção dos genitores mais adequados e a caracterização da variabilidade genética existente é fator decisivo para o incremento da eficiência em programas de melhoramento (BARBOSA NETO, 1995).

O sucesso de um programa de melhoramento reside na existência de variabilidade na população de trabalho e é recomendado ao melhorista o intercruzamento entre cultivares superiores e divergentes. A análise da diversidade genética se destina à identificação de genitores propícios à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem, por consequência, maior probabilidade de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes (CRUZ & CARNEIRO, 2014). Tais estimativas são fundamentais para o sucesso na condução de um programa de melhoramento envolvendo hibridações (JUNIOR, 1999).

A análise de divergência entre os genótipos conservados é necessária a programas de melhoramento e pode ser mensurada a partir de características agrônomicas, morfológicas e moleculares. Desse modo, para alavancar a utilização dos acessos conservados em bancos de germoplasma, é necessária à sua correta caracterização, sem lacunas quanto à efetiva documentação e informação sobre sua origem, características e potencial de uso (VILELA-MORALES & VALOIS, 2000).

Segundo Andrade (2012), os marcadores morfológicos são muito utilizados em estudos de genética e evolução, podendo empregar diferentes caracteres. No entanto, descritores morfológicos têm sido usados por diversos pesquisadores para a caracterização de germoplasma (RODRIGUES, 2003). Embora existam técnicas mais avançadas, os descritores são mais acessíveis e antecedem outras técnicas, permitindo a orientação do trabalho a ser realizado com descritores mais sofisticados, como os marcadores moleculares (RITSCHER et al., 1998), que são utilizados com o objetivo de avaliar relações genéticas entre cultivares, espécies e híbridos intra e interespecíficos, além de serem usados na construção de mapas genéticos (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1998).

A caracterização morfológica é um processo que, por meio da utilização de uma lista descritiva, trata de prover maiores informações sobre o germoplasma conservado, dispondo-o de uma forma mais efetiva para a utilização (RAMOS et al., 1999). A caracterização morfológica consiste na anotação de descritores botânicos facilmente visíveis ou mensuráveis e que, a princípio, expressam-se em todos os ambientes. Dessa forma, a caracterização fixa-se basicamente em aspectos morfológicos e fenológicos, observados de forma sistemática por meio do uso de listas descritivas que conduzem à discriminação entre acessos (VALLS, 1988).

A partir dos dados gerados, diferentes técnicas de análises estatísticas são passíveis de execução no intuito de sintetizar o volume de informações geradas. A determinação do método a ser utilizado depende, sobretudo, da variável a ser estudada. Cada descritor morfológico passa a ser uma variável qualitativa multicategórica a ser analisada para cada genótipo. Assim, os dados podem ser analisados mediante o emprego de análises estatísticas simples ou mais complexas, visando obter conclusões a respeito da variabilidade e utilidade do germoplasma.

Segundo Franco & Hidalgo (2003), para análise de dados qualitativos tanto do tipo binário, como do tipo ordinal (com ou sem sequência) a aplicação de métodos multivariados se mostra bastante eficiente. Pois, constitui um conjunto de técnicas analíticas que permitem o tratamento das características em conjunto, possibilitando integrar as múltiplas informações extraídas das avaliações experimentais (JUNIOR, 1999). Dentro da análise multivariada, existem diferentes métodos que são usados de acordo com a finalidade da caracterização e são subdivididos em dois grandes grupos.

Os métodos de classificação permitem classificar os acessos pesquisados em grupos relativamente homogêneos com base na similaridade existente. Para tal finalidade, utilizaremos a análise de conglomerados com métodos hierárquicos, visto que, estes têm por finalidade, reunir as amostras em vários grupos de diferentes níveis, de tal forma que exista homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre grupos (CRUZ & REGAZZI, 1994). Como resultado é obtido um dendrograma ou diagrama de árvores representando o agrupamento.

Os métodos de ordenação permitem arranjar e representar graficamente o material genético estudado em um número reduzido de dimensões (FRANCO & HIDALGO, 2003), para possibilitar a identificação das variáveis que mais influenciaram a classificação dos acessos em diferentes grupos. Dentro do grupo de métodos de ordenação existe a análise de componentes principais, que trata de combinações lineares das variáveis originais com alto poder de discriminação, cuja grande aplicabilidade é possibilitar a avaliação da divergência genética por meio de dispersão gráfica em que se consideram, em geral, dois eixos cartesianos, o que torna o procedimento de discriminação genotípica mais facilmente perceptível (CONCEIÇÃO, 2015).

Diante desse contexto, o objetivo deste trabalho foi estimar a variabilidade fenotípica entre os acessos de batatas-silvestres conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa – BAG de Batata, com base na caracterização morfológica. Além de identificar acessos semelhantes, provendo maiores informações sobre o material genético conservado de modo a contribuir com o curador do banco de germoplasma, no manejo do BAG e com o melhorista na escolha de genótipos promissores para utilização no melhoramento.

3.2 Material e Métodos

3.2.1 Cultivo

O experimento foi implantado em ambiente protegido tipo estufa sem controle absoluto de temperatura e umidade, localizado na Embrapa Clima Temperado em Pelotas, Rio Grande do Sul, a 31°S e 52°W, em clima subtropical úmido, com espaçamento entre vasos de 0,3 m e 0,5 m entre fileiras distribuídos em 24 fileiras, totalizando uma área de 65,6 m². No período compreendido entre setembro de 2015 a janeiro de 2016 foram cultivados em três ciclos de plantio 54 acessos de batata-silvestre das três espécies silvestres (Tabela 1) provenientes do BAG de Batata da Embrapa (Figura 1).

3.2.2 Caracterização

No transcorrer do ciclo fenológico da cultura, foram aplicados 36 descritores morfológicos qualitativos multicategóricos selecionados a partir de Huamán (1994), Gómez (2000) e MAPA (2012) (Tabela 2). Os acessos caracterizados foram fotografados e tiveram amostras coletadas para herborização e montagem de exsiccatas depositadas como testemunhos do estudo no Herbário da Embrapa Clima Temperado (ECT).

Tabela 1 - Acessos de batata-silvestre (*Solanum*, Solanaceae) caracterizados morfológicamente. O BGB é o código de tombamento no Banco de Germoplasma de Batata da Embrapa.

Acesso	BGB	Espécie	Procedência
1	94	<i>S. chacoense</i>	Córdoba, Argentina
2	103	<i>S. chacoense</i>	Córdoba, Argentina
3	104	<i>S. chacoense</i>	Jujuy, Argentina
4	95	<i>S. chacoense</i>	Córdoba, Argentina
5	1	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Ijuí, RS, Brasil
6	3	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Pelotas, RS, Brasil
7	443	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>malmeanum</i>	Canoinhas, SC, Brasil
8	447	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>malmeanum</i>	Porto Lucena, RS, Brasil
9	9	<i>S. commersonii</i> X <i>S. chacoense</i>	Rio Grande, RS, Brasil
10	21	<i>S. chacoense</i>	Horizontina, RS, Brasil
11	35	<i>S. chacoense</i>	Iraí, RS, Brasil
12	77	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Pejuçara, RS, Brasil
13	80	<i>S. chacoense</i>	São Miguel das Missões, RS, Brasil
14	102	<i>S. chacoense</i>	San Luís, Argentina
15	17	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>malmeanum</i>	Santo Ângelo, RS, Brasil
16	8	<i>S. commersonii</i> X <i>S. chacoense</i>	Rio Grande, RS, Brasil
17	37	<i>S. commersonii</i> X <i>S. chacoense</i>	Capão da Canoa, RS, Brasil
18	83	<i>S. chacoense</i>	Xanxerê, SC, Brasil
19	451	<i>S. chacoense</i>	Sem informação
20	14	<i>S. chacoense</i>	Lajeado, RS, Brasil
21	96	<i>S. chacoense</i>	Tucumán, Argentina
22	97	<i>S. chacoense</i>	Assunção, Paraguai
23	98	<i>S. chacoense</i>	
24	100	<i>S. chacoense</i>	Catamarca, Argentina
25	105	<i>S. chacoense</i>	Catamarca, Argentina
26	2	<i>S. commersonii</i> X <i>S. chacoense</i>	Pelotas, RS, Brasil
27	12	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Caxias do Sul, RS, Brasil
28	30	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	São Sepé, RS, Brasil
29	31	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>malmeanum</i>	São Sepé, RS, Brasil
30	55	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Rio Grande, RS, Brasil
31	63	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Quarai, RS, Brasil
32	444	<i>S. chacoense</i>	Mafra, SC, Brasil
33	446	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>malmeanum</i>	
34	81	<i>S. chacoense</i>	São Luiz Gonzaga, RS, Brasil
35	11	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Rio Grande, RS, Brasil
36	24	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Julio de Castilhos, RS, Brasil
37	27	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Viamão, RS, Brasil
38	41	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Nova Prata, RS, Brasil
39	42	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Soledade, RS, Brasil
40	45	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Candelária, RS, Brasil
41	40	<i>S. commersonii</i> X <i>S. chacoense</i>	
42	48	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	São Sebastião do Caí, RS, Brasil
43	101	<i>S. chacoense</i>	Salta, Argentina

Continuação

Acesso	BGB	Espécie	Procedência
44	86	<i>S. calvescens</i>	Andradas, MG, Brasil
45	6	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Pelotas, RS, Brasil
46	51	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Dom feliciano, RS, Brasil
47	72	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Santana da Boa Vista, RS, Brasil
48	29	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Pelotas, RS, Brasil
49	56	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	São José do Norte, RS, Brasil
50	59	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Aceguá, RS, Brasil
51	67	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Rosario do Sul, RS, Brasil
52	68	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	São Gabriel, RS, Brasil
53	450	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	São Jerônimo, RS, Brasil
54	453	<i>S. commersonii</i> subsp. <i>commersonii</i>	Herval, RS, Brasil



Figura 1 - **A.** Mudas das espécies silvestres (*S. calvescens*, *S. chacoense* e *S. commersonii*) oriundas do Banco Ativo de Germoplasma de Batata no Laboratório de Cultura de Tecidos da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS. **B.** Fase de aclimação em espuma fenólica das mudas oriundas da cultura de tecidos em solução hidropônica; **C.** Tubérculos armazenados em câmara fria do Banco Ativo de Germoplasma de Batata; **D.** Plantio em vasos com substrato; **E.** Experimento implantado; **F.** Plantas em plena floração para caracterização morfológica da parte aérea vegetativa e reprodutiva.

Tabela 2 - Descritores morfológicos propostos por Huamán (1994), Gómez (2000), e MAPA (2012) aplicados aos acessos de parentes silvestres do BAG de batata da Embrapa Clima Temperado.

Descritor	Código e característica
1. Hábito de crescimento	1. Ereto 2. Semi-ereto 3. Decumbente 4. Prostrado 5. Semi-rosetado 6. Rosetado
2. Forma da folha: tipo de dissecção	1. Inteira 2. Lobulada 3. Seccionada
3. Forma da folha: número de segmentos laterais	0. Ausente 1. 1 Par 2. 2 Pares 3. 3 pares 4. 4 pares 5. 5 pares 6. 6 pares 7. 7 ou mais pares
4. Forma da folha: número de segmentos intersticiais entre segmentos laterais	0. Ausente 1. 1 par 2. 2 pares 3. 3 pares 4. 4 ou mais pares
5. Forma da folha: número de segmentos sobre as nervuras secundárias	0. Ausente 1. 1 par 2. 2 pares 3. 3 pares 4. 4 ou mais pares
6. Cor do caule	1. Verde 2. Verde com poucas manchas 3. Verde com muitas manchas 4. Pigmentado com verde abundante 5. Pigmentado com pouco verde 6. Avermelhado 7. Roxo
7. Formato das alas do caule	0. Ausente 1. Reto 2. Ondulado 3. Dentado
8. Grau de floração	0. Sem botões 1. Aborto de botões 2. Floração escassa 3. Floração moderada 4. Floração profusa
9. Forma da corola	1. Estrelada 3. Semi-estrelada 5. Pentagonal 7. Rotada 9. Muito rotada

Continuação

Descritor	Código e característica
10. Cor da corola: cor predominante	1. Branco 2. Vermelho rosado 3. Vermelho arroxeadado 4. Azul claro 5. Azul arroxeadado 6. Lilás 7. Roxo 8. Violeta
11. Cor da corola: intensidade da cor predominante	1. Pálido/claro 2. Intermediário 3. Intenso/escuro
12. Cor da corola: cor secundária	0. Ausente 1. Branco 2. Vermelho rosado 3. Vermelho arroxeadado 4. Azul claro 5. Azul arroxeadado 6. Lilás 7. Roxo 8. Violeta
13. Cor da corola: distribuição da cor secundária	0. Ausente 1. Ápice (branco) adaxial 2. Ápice (branco) -abaxial 3. Ápice (branco) – ambos 4. Em estrela 5. Bandas adaxiais 6. Bandas abaxias 7. Bandas em ambas as faces 8. Manchas salpicadas 9. Poucas manchas ou pontos
14. Pigmentação no pistilo	0. Sem antocianinas 1. Estigma pigmentado (PS) 2. Ovário pigmentado(PO) 3. Pigmentação na parede interna do ovário (POW) 4. Pigmentado PS+PO 5. Pigmentado PS+POW 6. Pigmentado PO+POW 7. Pigmentado PS+PO+POW 8. Outro
15. Pigmentação nas anteras	0. Sem antocianinas 1. Bandas laterais pigmentadas 2. Mancha pigmentada no ápice 3. Bandas e ápice pigmentados 4. Anteras vermelho-marrom
16. Cor do cálice	1. Verde 2. Verde com poucas manchas 3. Verde com manchas abundantes 4. Pigmentado com abundante verde 5. Pigmentado com pouco verde 6. Vermelho 7. Arroxeadado

Continuação

Descritor	Código e característica
17. Cor do pedicelo	1. Verde 2. Somente articulação pigmentada 3. Ligeiramente pigmentado ao longo 4. Pigmentado sobre a articulação 5. Pigmentado debaixo da articulação 6. Completamente pigmentado e articulação verde 7. Completamente pigmentado
18. Cor do fruto	1. Verde 2. Verde com pontos brancos 3. Verde com bandas brancas 4. Verde com áreas pigmentadas 5. Verde com bandas pigmentadas 6. Predominantemente pigmentado
19. Forma do fruto	1. Globoso 2. Globoso mucronado 3. Ovoide 4. Ovoide mucronado 5. Cônico 6. Cônica alargado 7. Piriforme
20. Cor da epiderme do tubérculo: cor predominante	1. Branco-creme 2. Amarelo 3. Alaranjado 4. Marrom 5. Rosado 6. Vermelho 7. Vermelho arroxeadado 8. Roxo 9. Nigrescente
21. Cor da epiderme do tubérculo: intensidade da cor predominante	1. Pálido/claro 2. Intermediário 3. Intenso/escuro
22. Cor da epiderme do tubérculo: cor secundaria	0. Ausente 1. Branco-creme 2. Amarelo 3. Alaranjado 4. Marrom 5. Rosado 6. Vermelho 7. Vermelho arroxeadado 8. Roxo 9. Nigrescente
23. Cor da epiderme do tubérculo: distribuição da cor secundária	0. Ausente 1. Nos olhos 2. Nas sobrancelhas 3. Ao redor dos olhos 4. Manchas dispersas 5. Como óculos (aureoladas) 6. Manchas salpicadas 7. Poucas manchas

Continuação

Descritor	Código e característica
24. Forma do tubérculo: forma geral	1. Comprimido 2. Redondo 3. Ovado 4. Obovado 5. Elíptico 6. Oblongo 7. Oblongo alargado 8. Alargado
25. Forma do tubérculo: variante da forma	0. Ausente 1. Aplanado 2. Clavado 3. Reniforme 4. Fusiforme 5. Falcado 6. Enroscado 7. Digitado 8. Concertinado 9. Tuberosado
26. Forma do tubérculo: profundidade dos olhos	1. Sobressaliente 3. Superficial 5. Médio 7. Profundo 9. Muito profundo
27. Cor da polpa do tubérculo: cor predominante	1. Branco 2. Creme 3. Amarelo claro 4. Amarelo 5. Amarelo intenso 6. Vermelho 7. Arroxeadado 8. Violeta
28. Cor da polpa do tubérculo: cor secundária	0. Ausente 1. Branco 2. Creme 3. Amarelo claro 4. Amarelo 5. Amarelo intenso 6. Vermelho 7. Arroxeadado 8. Violeta
29. Cor da polpa do tubérculo: distribuição da cor secundária	0. Ausente 1. Poucas manchas 2. Áreas 3. Anel vascular estreito 4. Anel vascular largo 5. Anel vascular e medula 6. Tudo menos medula 7. Outro (salpicado)
30. Brotação: formato do broto	1. Esférico 2. Oval 3. Cônico 4. Cilíndrico largo 5. Cilíndrico estreito

Continuação	
Descritor	Código e característica
31. Brotação: coloração da base do broto	1. Verde 2. Vermelho-púrpura 3. Azul-púrpura
32. Brotação: intensidade da coloração da base do broto	3. Fraca 5. Média 7. Forte
33. Brotação: pubescência da base	3. Pouca 5. Média 7. Intensa
34. Brotação: aspecto do ápice	3. Fechado 5. Médio 7. Aberto
35. Brotação: intensidade de primórdios radiculares	3. Baixa 5. Média 7. Alta
36. Brotação: comprimento da brotação lateral	3. Curto 5. Médio 7. Longo

3.2.3 Análise dos resultados

Para as análises, foi considerada a moda de cada descritor para o grupo de acessos avaliados. Os dados obtidos foram submetidos à análise multivariada utilizando o programa GENES (CRUZ, 2013). Foi calculada a matriz de divergência genética entre os acessos com base no complemento do coeficiente de coincidência simples. Este coeficiente leva em consideração a ocorrência e concordância de valores. A distância entre os genótipos i e j é dada pela fórmula $D_{ij}=(1-C)/(C+D)$, em que C é a concordância de valores, e D é a discordância.

A partir das informações dessa matriz, os acessos foram agrupados pelo método hierárquico UPGMA, e posteriormente ordenados segundo o método de componentes principais, utilizando-se dos aplicativos computacionais GENES e DARwin, v.6 (PERRIER & BONNOT, 2003).

3.3 Resultados

Dos 36 descritores, 27 foram passíveis de serem aplicados para todos os acessos. Cinco descritores apresentaram-se como monomórficos: I - Tipo de dissecação da folha: dissectada; II - Pigmentação no pistilo: ausente; III - Pigmentação nas anteras: ausente; IV - Cor secundária da polpa do tubérculo: ausente e V - Distribuição da cor secundária: sem cor secundária, ou seja, se

mostraram iguais em todos os acessos. Dessa forma, foram excluídos da análise de diversidade. Também foi excluído a presença/ausência de frutos e caracteres de frutos em função do baixo índice de frutificação dos acessos. Apenas 22,5% dos acessos frutificaram, impossibilitando a caracterização desse descritor uniformemente para todos os acessos. Além do descritor maturação, que, devido às diferentes datas de emergência de cada acesso e aos ciclos de plantio, houve variação nas condições ambientais como luminosidade e temperatura e esses fatores influenciaram no ciclo fenológico. Por fim, o hábito de crescimento e grau de floração também foram excluídos da análise devido à grande influência do ambiente constatada.

Os resultados da caracterização encontram-se sintetizados na Tabela 3. Todos os 54 acessos avaliados (100%) apresentaram folhas do tipo seccionada. Em relação ao número de segmentos laterais, 21 acessos apresentaram cinco pares (38,8%), 19 acessos apresentaram quatro pares (35,18%), 10 acessos apresentaram três pares (18,51), três acessos apresentaram sete pares (5,55%) e um acesso apresentou seis pares (1,85%). O número de segmentos intersticiais entre segmentos laterais foi de dois pares em 17 acessos (31,48%), 11 acessos apresentaram quatro pares (20,37%), três pares (20,37%) ou não apresentaram segmentos intersticiais (20,3%), enquanto que quatro acessos apresentaram um par (7,40%). Para o descritor número de segmentos sobre as nervuras secundárias, 46 acessos não apresentaram essa característica (85,18%), sete acessos apresentaram um par (12,96%) e um acesso apresentou dois pares (1,85%).

Tabela 3 - Caracterização morfológica dos acessos de parentes silvestres do Banco Ativo de Germoplasma de Batata da Embrapa conforme descritores propostos por Huamán (1994), Gómez (2000), e MAPA (2002).

BGB	Descritores																																			
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
1	-	-	5	1	0	1	1	-	1	1	1	8	7	-	-	1	2	-	-	4	1	0	0	2	0	3	1	-	-	5	3	3	6	5	3	3
2	-	-	4	2	0	4	1	-	3	1	1	8	3	-	-	1	1	-	-	1	2	4	4	2	2	1	2	-	-	5	1	3	7	3	3	3
3	-	-	5	2	0	1	1	-	1	1	1	8	7	-	-	1	2	-	-	2	3	0	0	3	0	3	1	-	-	5	1	3	6	3	4	3
6	-	-	3	1	0	2	0	-	3	1	1	8	7	-	-	1	2	-	-	4	1	0	0	3	0	1	1	-	-	5	1	5	6	7	3	5
8	-	-	5	4	0	3	1	-	1	1	1	6	4	-	-	1	4	-	-	4	2	0	0	2	1	3	1	-	-	5	3	5	7	3	5	3
9	-	-	5	4	0	1	1	-	1	1	1	8	7	-	-	1	2	-	-	1	2	5	4	2	0	3	2	-	-	5	1	3	5	6	6	5
11	-	-	4	3	0	1	1	-	1	6	3	0	0	-	-	1	1	-	-	2	2	0	0	3	0	5	1	-	-	5	1	3	5	7	6	4
12	-	-	4	2	0	1	1	-	1	1	1	8	7	-	-	1	8	-	-	4	2	0	0	2	0	3	2	-	-	4	3	3	5	5	3	3
14	-	-	5	3	1	2	1	-	3	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	4	3	0	0	2	0	1	2	-	-	5	3	3	5	3	5	3
17	-	-	5	3	1	2	0	-	1	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	1	3	0	0	3	0	1	1	-	-	4	3	5	6	3	5	3
21	-	-	5	4	0	1	1	-	3	1	1	0	0	-	-	1	1	-	-	4	2	0	0	3	0	3	2	-	-	5	3	7	6	5	5	3
24	-	-	4	2	0	1	1	-	1	6	1	8	2	-	-	1	2	-	-	2	2	0	0	3	0	3	1	-	-	5	1	3	6	7	5	3
27	-	-	4	2	0	1	1	-	1	1	1	6	6	-	-	1	1	-	-	4	1	8	4	2	0	5	1	-	-	4	3	3	4	5	7	3
29	-	-	3	2	0	4	1	-	3	1	1	6	4	-	-	1	4	-	-	1	1	0	0	2	0	3	1	-	-	5	3	3	7	3	3	5
30	-	-	4	2	0	3	1	-	1	1	1	8	7	-	-	1	3	-	-	1	2	0	0	2	0	3	1	-	-	4	3	1	6	7	7	4
31	-	-	4	2	0	2	1	-	1	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	1	3	0	0	2	2	1	1	-	-	5	1	3	5	5	3	3
35	-	-	5	4	0	3	1	-	3	1	1	0	0	-	-	1	1	-	-	4	3	0	0	2	1	3	1	-	-	5	3	6	7	7	3	3
37	-	-	5	3	0	3	1	-	1	1	1	8	7	-	-	1	8	-	-	4	2	0	0	2	0	5	1	-	-	5	3	5	6	3	3	3
40	-	-	4	0	0	1	1	-	3	1	1	8	6	-	-	1	1	-	-	1	3	8	4	2	3	4	1	-	-	4	3	7	7	3	7	3
41	-	-	4	2	0	1	1	-	1	1	1	8	7	-	-	1	2	-	-	4	1	0	0	2	0	3	1	-	-	5	1	3	7	7	3	3
42	-	-	4	1	0	1	1	-	1	1	1	0	0	-	-	1	1	-	-	2	2	0	0	2	2	3	1	-	-	4	1	3	3	3	6	5
45	-	-	4	2	0	1	1	-	3	1	1	8	0	-	-	1	1	-	-	1	2	0	0	3	2	3	1	-	-	5	3	4	5	6	5	3
48	-	-	4	3	1	1	1	-	1	1	1	8	7	-	-	1	2	-	-	4	1	0	0	3	2	4	1	-	-	4	1	3	6	4	5	3
51	-	-	3	0	0	1	1	-	1	1	1	8	7	-	-	1	1	-	-	1	3	0	0	3	0	3	1	-	-	4	1	3	7	7	3	3

Continuação

BGB	Descritores																																			
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
55	-	-	4	4	1	1	0	-	3	1	1	8	7	-	-	1	1	-	-	4	1	0	0	3	0	1	1	-	-	5	3	5	6	5	3	3
56	-	-	3	1	0	1	1	-	1	8	2	0	0	-	-	1	4	-	-	1	2	0	0	2	0	3	1	-	-	5	1	3	6	7	5	7
59	-	-	3	0	0	1	1	-	1	8	1	0	0	-	-	1	2	-	-	1	2	0	0	3	0	3	1	-	-	5	1	3	5	5	6	5
63	-	-	4	0	0	1	0	-	1	1	1	8	6	-	-	1	1	-	-	4	1	0	0	3	0	3	1	-	-	5	3	5	5	5	5	3
67	-	-	3	2	0	2	1	-	3	8	2	0	0	-	-	1	4	-	-	1	2	0	0	2	10	3	1	-	-	5	1	3	7	7	5	3
68	-	-	3	2	0	1	1	-	1	8	2	0	0	-	-	1	4	-	-	1	3	0	0	2	0	5	1	-	-	5	1	3	6	5	5	3
72	-	-	3	0	0	1	1	-	1	1	1	8	6	-	-	1	1	-	-	3	2	0	0	2	1	1	1	-	-	4	1	3	6	3	5	4
77	-	-	5	4	0	1	1	-	1	1	1	8	6	-	-	4	4	-	-	4	1	0	0	3	2	1	1	-	-	4	1	3	6	4	4	3
80	-	-	5	3	1	3	1	-	3	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	4	2	8	6	2	0	3	1	-	-	3	3	7	6	5	5	3
81	-	-	4	0	0	2	1	-	5	1	1	0	0	-	-	1	1	-	-	4	3	0	0	3	0	3	1	-	-	5	3	7	5	3	7	3
83	-	-	5	0	0	2	1	-	3	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	2	1	8	3	3	0	4	1	-	-	5	3	7	7	5	6	3
86	-	-	4	0	0	7	2	-	1	1	1	0	0	-	-	1	6	-	-	2	3	0	0	2	10	1	2	-	-	5	3	5	6	3	7	3
94	-	-	7	4	2	5	2	-	3	1	1	0	0	-	-	1	8	-	-	4	1	0	0	3	2	3	1	-	-	5	1	3	4	1	5	3
95	-	-	6	3	0	3	2	-	3	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	1	2	0	0	2	2	5	1	-	-	1	1	3	0	7	3	3
96	-	-	5	0	0	4	2	-	3	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	4	1	0	0	3	1	7	1	-	-	4	3	3	3	5	5	4
97	-	-	5	4	1	3	1	-	3	1	1	0	0	-	-	1	5	-	-	4	2	0	0	2	2	5	2	-	-	5	1	3	3	5	5	5
98	-	-	5	3	0	5	1	-	3	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	4	1	7	1	2	1	1	2	-	-	5	3	5	4	3	5	4
100	-	-	5	3	0	4	2	-	3	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	1	1	0	0	2	0	3	1	-	-	5	1	3	5	7	7	3
101	-	-	4	2	0	3	2	-	3	1	1	0	0	-	-	1	2	-	-	4	1	0	0	2	0	3	1	-	-	5	2	3	3	3	5	3
102	-	-	5	3	0	2	1	-	3	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	2	1	0	0	3	0	3	1	-	-	5	1	3	5	3	3	7
103	-	-	7	4	1	2	3	-	3	1	1	0	0	-	-	2	4	-	-	3	1	0	0	8	2	3	1	-	-	5	3	3	3	5	3	3
104	-	-	7	4	0	5	2	-	1	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	4	1	0	0	2	1	5	1	-	-	5	1	3	5	1	5	3
105	-	-	5	4	0	5	2	-	3	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	1	3	8	4	2	0	3	1	-	-	5	3	5	5	7	5	3
443	-	-	5	2	0	1	1	-	3	1	1	0	0	-	-	1	1	-	-	4	1	0	0	3	0	1	1	-	-	5	1	3	6	3	3	3
444	-	-	4	2	0	1	0	-	3	1	1	0	0	-	-	1	1	-	-	4	1	0	0	3	2	3	1	-	-	4	1	3	7	5	7	3

Continuação

BGB	Descritores																																			
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
446	-	-	4	2	0	1	0	-	3	1	1	0	0	-	-	1	1	-	-	4	1	0	0	3	2	3	1	-	-	5	1	3	5	3	3	3
447	-	-	5	2	0	1	0	-	3	1	1	0	0	-	-	1	2	-	-	4	1	0	0	2	2	1	1	-	-	5	1	3	5	7	3	3
450	-	-	3	0	0	2	1	-	1	1	1	8	7	-	-	1	1	-	-	1	2	0	0	2	10	3	1	-	-	5	3	5	7	6	5	5
451	-	-	5	3	0	4	1	-	3	1	1	0	0	-	-	1	4	-	-	1	2	0	0	2	0	4	1	-	-	5	3	7	7	5	5	3
453	-	-	3	0	0	1	1	-	1	1	1	8	7	-	-	1	1	-	-	1	2	0	0	2	10	3	1	-	-	4	1	3	5	5	6	5

A variabilidade apresentada na cor do caule foi de 26 acessos com cor verde (48,14%); 10 acessos com cor verde e poucas manchas (18,51%); oito acessos com cor verde com muitas manchas (14,81%); cinco acessos com caule pigmentado e verde abundante (9,25%) e um acesso com cor avermelhado (1,85%). Para o descritor formato das alas do caule, verificamos 38 acessos com alas retas (70,37%); oito acessos com alas onduladas (14,81%); sete acessos sem alas (12,96%) e apenas um acesso com alas dentadas (1,85%).

No tocante a características relacionadas a inflorescência, observamos que para o descritor forma da corola 27 acessos possuem corola semi-estrelada (50%); 26 acessos corola estrelada (48,15%) e um acesso com corola no formato pentagonal (1,85%). Para cor predominante da corola, 48 acessos apresentaram cor predominante branca (88,8%); quatro acessos com cor violeta (7,40%) e apenas dois acessos com coloração predominante da flor lilás (3,70%). A intensidade da cor predominante variou de fraca para 50 acessos (92,60%); média para três acessos (7,40%) e somente um acesso com forte intensidade de cor (1,85%). Em relação a cor secundária na corola, 31 acessos não apresentaram (57,40%) essa característica; 20 acessos possuem cor secundária violeta (37,03%) e três acessos com coloração secundária lilás (5,55%). Para o descritor distribuição da cor secundária, verificamos a distribuição em bandas abaxiais para 13 acessos (24,07%), ao passo que para quatro a distribuição se deu por bandas adaxiais (7,40%); em dois acessos houve distribuição no ápice (branco) em ambos os lados (3,70%), enquanto que um acesso apresentou distribuição do ápice (branco) na face abaxial (1,85%) e outro acesso com distribuição do ápice (branco) na face adaxial (1,85%).

Para os descritores pigmentação no pistilo e nas anteras todos os 54 acessos não possuem esta característica. Em relação a cor do cálice, 52 acessos possuem coloração verde (96,29%); um acesso apresenta coloração verde e poucas manchas (1,85%) e um acesso coloração pigmentada e abundante verde (1,85%). Para o descritor cor do pedicelo, avaliamos a ocorrência de 20 acessos com pigmentação sobre a articulação (37,03%); 18 acessos de coloração verde (33,33%); 10 acessos com somente articulação pigmentada (18,51%); três acessos com pedicelo muito pigmentado (5,55%); um acesso com pedicelo pigmentado debaixo da articulação (1,85%); um acesso com pedicelo completamente pigmentado e somente a

articulação verde (1,85%) e um acesso com pedicelo ligeiramente pigmentado ao longo de todo o comprimento (1,85%).

Dentre as características de tubérculo, para cor da pele (epiderme), 25 acessos apresentaram coloração marrom (46,29%); 19 acessos cor branco-creme (35,18%); sete acessos com coloração amarela (12,96%) e apenas dois com cor alaranjada (3,70%). A intensidade da cor predominante foi fraca para 22 acessos (40,74%); média para 21 acessos (38,88%) e forte em 11 acessos (20,37%). A maioria dos acessos, mais precisamente 46 (85,18%) não apresentaram coloração secundária e dos quais apresentaram essa característica, cinco acessos exibiram cor secundária arroxeadada (9,25%), um com coloração secundária marrom (1,85%), um acesso com coloração secundária rosada (1,85%) e mais um acesso com coloração secundária vermelho-arroxeadada. (1,85%). Em relação a distribuição da cor secundária, dos nove acessos com cor secundária, cinco apresentaram distribuição em manchas dispersas (9,25%), um ao redor dos olhos (1,85%); um acesso com distribuição em manchas salpicadas (1,85%) e um acesso com distribuição nos olhos (1,85%). Para o descritor forma geral do tubérculo temos 32 acessos com formato redondo (59,25%), 21 acessos com a maioria dos tubérculos na forma ovalada (38,88%) e um acesso com tubérculos na forma alargada (1,85%). A respeito do descritor variante na forma dos tubérculos, observamos que 30 acessos não apresentaram variação no formato dos tubérculos (55,55%), porém 13 acessos exibiram variação do tipo clavado (24,07%); seis acessos apresentaram variação do tipo aplanado (11,11%); quatro acessos variação do tipo crescimento secundário (7,40%) e um acesso com variação do tipo reniforme (1,85%). Sobre a profundidade dos olhos, 30 acessos possuem olhos superficiais (55,55%); 12 acessos olhos do tipo sobressalientes (22,22%), sete com olhos médios (12,96%) e quatro com olhos entre sobressalientes e superficiais (7,40%). Para a característica cor da polpa predominantemente, verificamos a ocorrência de polpa branca em 47 acessos (87,03%), em contrapartida sete acessos apresentaram polpa de coloração creme (12,96%). Em relação a cor secundária na polpa, todos os 54 acessos não apresentaram esta característica.

No que se refere a características dos brotos nos tubérculos, 39 acessos apresentaram broto na forma cilíndrica estreita (72,22%), 12 acessos possuem broto cilíndrico largo (22,22%) e o restante observado foi um acesso com broto no formato esférico (1,85%) e outro do tipo cônico (1,85%). A coloração da base do broto

apresentou três classes, sendo que 28 acessos (51,85%) evidenciaram cor verde, outros 25 acessos (46,29%) com coloração azul-purpura e apenas um acesso apresentou cor vermelho-púrpura (1,85%).

Para o descritor intensidade da coloração da base do broto, 35 acessos são coloridos de maneira fraca (64,81%), 10 acessos têm coloração de broto na intensidade média (14,51%) e seis acessos apresentam forte intensidade de coloração (11,11%), ainda observamos nesse descritor duas classes intermediárias, onde um acesso possui broto com cor na intensidade entre fraca e média (1,85%) e outro acesso com coloração na intensidade entre média e forte (1,85%). Para o descritor pubescência na base do broto, 17 acessos (31,48%) apresentaram essa característica entre média e intensa, 15 acessos (27,77%) possuem média pubescência e 12 acessos (22,22%) apresentam intensa ocorrência de pubescência na base. Ainda verificamos que cinco acessos (9,26%) exibiram pouca pubescência, três acessos (5,55%) mostraram entre pouca e média pubescência e apenas um acesso (1,85%) não apresentou pubescência na base do broto. Sobre o descritor aspecto do ápice do broto, 17 acessos (31,48%) possuem ápice fechado assim como 17 acessos (31,48%) apresentam ápice do broto mediamente aberto e 13 acessos (24,07%) aspecto do ápice aberto, dois acessos com ápice entre fechado e médio (3,70%) e mais dois acessos com ápice muito fechado (3,70%). Em relação a intensidade de primórdios radiculares presentes na brotação, 22 acessos possuem essa característica em média intensidade (40,74%), 17 acessos em baixa intensidade (31,48%), sete acessos em alta (12,96%), seis acessos entre média e alta intensidade de primórdios radiculares (11,11%) e, por fim, dois acessos entre baixa e média intensidade (3,70%).

Para a formação dos grupos de acessos similares, observados no dendrograma (Figura 2) os 54 acessos caracterizados, foram distintos entre si e se distribuíram em 39 grupos, evidenciando alto grau de variabilidade fenotípica nos acessos silvestres do banco ativo de germoplasma de batata da Embrapa.

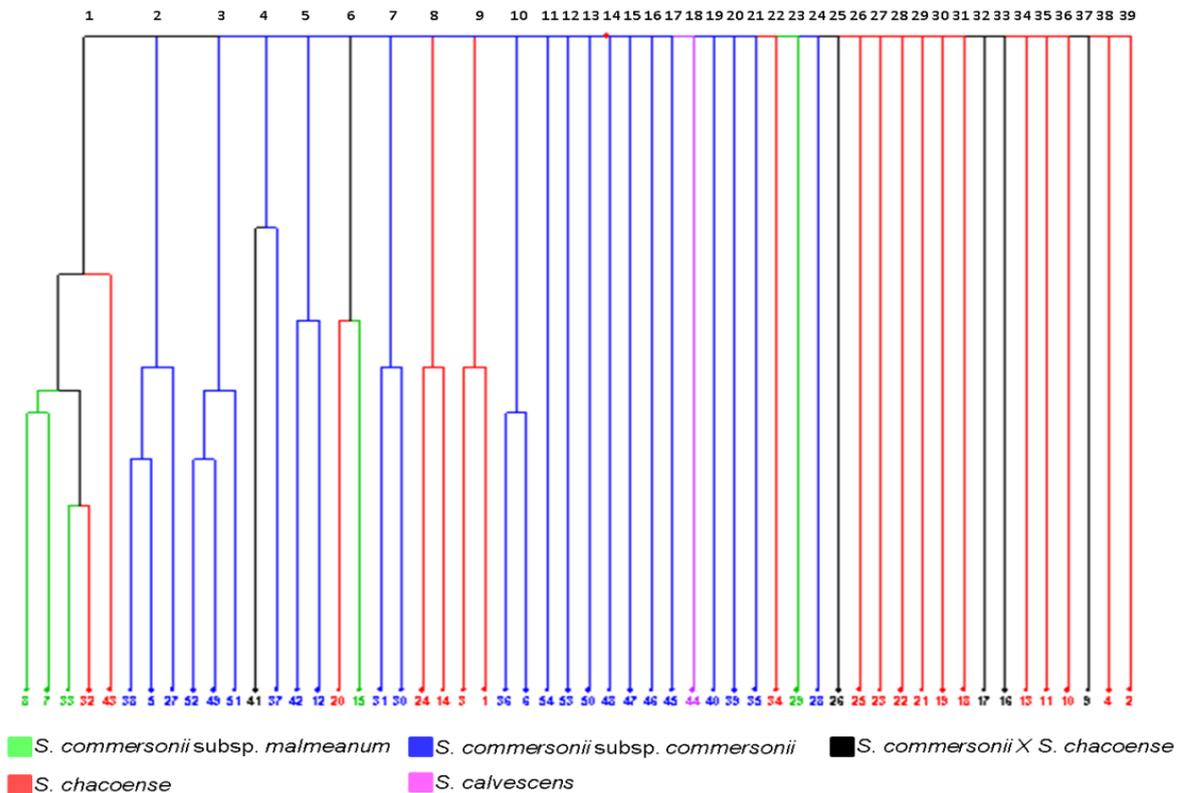


Figura 2 - Agrupamento dos 54 acessos caracterizados com 27 descritores morfológicos pelo método UPGMA com base na divergência genética (D_{ij}), onde: $D_{ij} = 1 - [(C) / (C + D)]$, em que D_{ij} é a distância entre os genótipos i e j , C é o total de concordância para as variáveis avaliadas e D é o total de discordância.

Pela análise dos componentes principais os dois primeiros componentes explicam 27,43% da variação total. Sendo que o primeiro componente 16,06%, da variação e o segundo 11,37%. Analisando a dispersão dos 54 acessos observa-se a aglomeração central da maioria dos acessos, no entanto, três subgrupos são identificados: I: acessos 1 e 2; II: acessos 35, 49, 52, 51 e 50; III: acesso 41 (Figura 3).

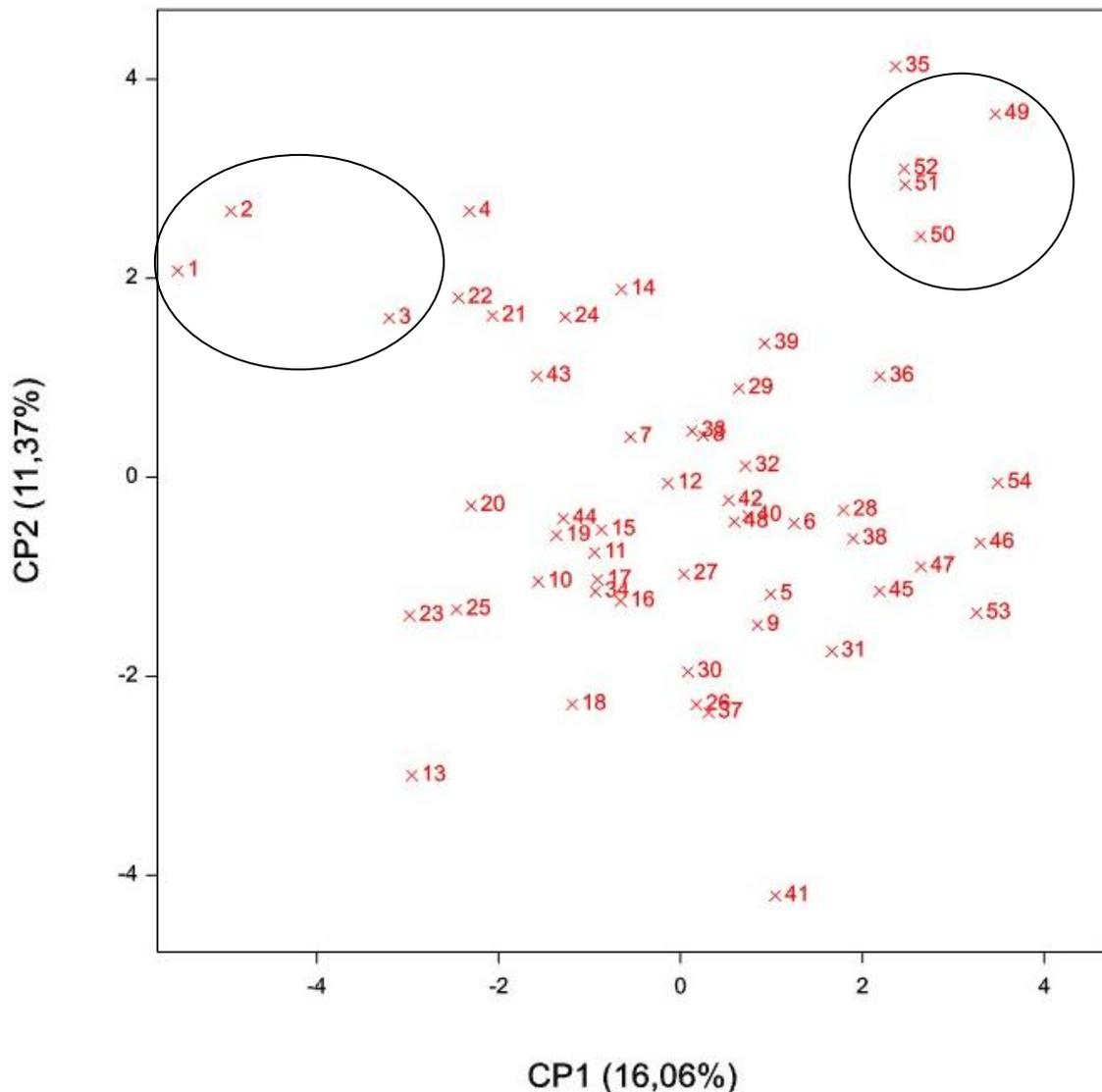


Figura 3 – Dispersão gráfica de 54 genótipos de batata-silvestre pela análise de componentes principais com base na caracterização de 27 variáveis morfológicas. O primeiro componente explica 16,06% e o segundo, 11,37% da variação observada.

Examinando os coeficientes de vetores próprios (Tabela 4), as variáveis que mais contribuíram para formação dos diferentes grupos em relação ao primeiro componente foram: número de folíolos laterais (NFL), Cor do caule (CCo) e número de segmentos intersticiais entre folíolos laterais (NSI).

No que diz respeito ao segundo componente principal (Tabela 4) as variáveis de maior peso utilizadas para distinguir os acessos de batata-silvestre foram as relacionadas a variabilidade de cor e intensidade de coloração em diferentes órgãos, como: broto, flor e tubérculo.

Tabela 4 - Vetores próprios dos dois componentes principais da caracterização morfológica dos acessos de batata-silvestre do BAG da Embrapa.

Características	Componentes Principais	
	CP1	CP2
AAB (aspecto do ápice do broto)	0.19763	0.08684
CBB (coloração da base do broto)	-0.15429	-0.30988
CBL (comprimento da brotação lateral)	0.15610	0.16802
CCa (cor do cálice)	-0.05443	0.03586
CCo (cor do caule)	-0.29295	0.00431
CP (cor do pedicelo)	-0.24258	0.12780
CPF (cor predominante da flor)	0.21402	0.33390
CPP (cor predominante da polpa do tubérculo)	-0.11542	-0.10411
CPT (cor predominante da pele do tubérculo)	-0.19050	-0.10236
CSF (cor secundária da flor)	0.24406	-0.29185
CST (cor secundária do tubérculo)	-0.09781	-0.31408
DCS (distribuição da cor secundária da flor)	0.23275	-0.28692
DCST (distribuição da cor secundária da pele do tubérculo)	-0.07457	-0.31186
FAC (forma das alas do caule)	-0.24637	0.19156
FB (formato do broto)	0.02142	0.02194
FC (forma da corola)	-0.24662	-0.04187
FT (forma do tubérculo)	-0.12173	0.12575
ICBB (intensidade da coloração da base do broto)	-0.11275	-0.32018
ICP (intensidade da cor predominante da flor)	0.16260	0.31410
ICPT (intensidade da cor predominante da pele do tubérculo)	0.08355	-0.05060
IPR (intensidade de primórdios radiculares)	0.02789	-0.02535
NFL (número de folíolos laterais)	-0.40936	0.04883
NSI (número de segmentos intersticiais)	-0.27362	0.08232
NSP (número de segmentos sobre peciólulos)	-0.24613	0.03823
PBB (pubescência da base do broto)	0.21174	-0.24440
PO (profundidade dos olhos)	-0.04026	0.15296
VFT (variante da forma)	0.08767	0.03852

3.4 Discussão

Considerando o custo de manter um grande número de acessos em um banco de germoplasma, diversos estudos têm buscado explicar a ocorrência de acessos redundantes objetivando a diminuição do tamanho da coleção ou possibilitando a formação de coleções nucleares (VAN TREUREN, 2004). Jansky (2015) inclusive comentou que os recursos de germoplasma são subutilizados pelos melhoristas, principalmente porque os dados genotípicos e fenotípicos são limitados. No entanto, com a utilização de recursos de genômica de desenvolvimento rápido, os melhoristas estão desbloqueando o potencial genético em bancos de germoplasma e fazendo avanços notáveis (TANKSLEY e MCCOUCH, 1997). Neste sentido, Bethke (2017) considerou que o direcionamento de esforços para identificar possíveis redundâncias entre os acessos conservados podem ter efeito positivo em coleções de germoplasma e conseqüentemente nas ações dos curadores de BAGs e melhoristas.

Dependendo do objetivo do melhoramento, podendo ser para atender exigências do mercado que variam segundo o segmento, do *in natura* ao destinado a processamento, os caracteres principalmente relativos a aparência do tubérculo, e também a qualidade são os mais desafiadores para o melhoramento da batata. (PEREIRA et al., 2016). A análise de agrupamento considerou a existência de 39 grupos distintos dentre o germoplasma de batata-silvestre do BAG de Batata da Embrapa, dos quais 10 grupos foram formados por acessos com certo grau de semelhanças entre si. Os outros 29 grupos restantes concentraram acessos individuais, evidenciando o alto grau de variabilidade dessa coleção.

Do ponto de vista de caracteres fenotípicos de interesse para o melhoramento genético da batata cultivada, elencou-se inicialmente aqueles relacionados aos tubérculos, referentes a cor da película variando de marrom, branco até amarela, e pela ocorrência de coloração arroxeadada presente na película de acessos distribuídos nos grupos 4; 26; 27 e 34 (Figura 4). Esta característica decorre da presença de antocianinas, um importante aliado na prevenção de doenças cardiovasculares, do câncer e doenças neurodegenerativas, devido ao seu poder antioxidante atuando contra os radicais livres (MALACRIDA, 2006). Andre et al. (2007) avaliaram tubérculos de batata como fonte de antioxidantes e minerais para dieta humana, tendo em vista a importância da dieta e do estilo de vida em relação ao surgimento

de muitas doenças crônicas degenerativas, a batata através do seu valor nutricional como fonte de importantes nutrientes faz com que cada vez mais aumente o interesse pelo seu potencial efeito benéfico na saúde humana.



Figura 4 – Coloração arroxeadada devido a presença de antocianinas em acessos de batatas silvestres caracterizados durante o trabalho. A) 4; B) 26; C) 27 e D) 34 no BAG de Batata da Embrapa.

Ao analisar-se o agrupamento em nível de espécie, verificou-se que para a formação dos grupos, os descritores avaliados não foram capazes de agrupar os acessos de uma mesma espécie no mesmo grupo. Verificou-se que os grupos 2 e 3, compostos por acessos de *S. commersonii* subsp. *commersonii*, segundo a análise UPGMA, não apresentaram valor de similaridade suficiente para corresponder ao mesmo grupo. Outro exemplo seria os 11 acessos não agrupados de *S. commersonii* subsp. *commersonii*.

Concordando com o que foi apontado em estudos anteriores, *Solanum* sect. *Petota* apresenta alta plasticidade fenotípica, dificultando um tratamento taxonômico claro, gerando comumente discrepâncias do número exato de espécies

reconhecidas. Além disso, existe a possibilidade de que muitas amostras coletadas a campo possam representar híbridos naturais ou resultarem de introgressões gênicas entre diferentes espécies (BETHKE et al., 2017).

A relação entre o local de origem de ocorrência natural dos acessos também não foi um fator explicativo para a semelhança fenotípica entre os acessos agrupados. Observou-se que não existe relação clara entre os fenótipos mais semelhantes e o local de coleta. Ao analisar o grupo 3, onde os acessos coletados estariam a uma distância geográfica de aproximadamente 286 km (Acesso número 52, coletado em São Gabriel, RS, e acesso número 49, em São José do Norte, RS), a morfologia da planta apresentada para esses dois acessos foi muito semelhante. Segundo Bethke et al. (2017), acessos de batatas-silvestres coletados próximos uns dos outros, às vezes, apresentavam padrões genotípicos diferentes, enquanto que, a ocorrência de germoplasma redundante também foi encontrado em acessos geograficamente distantes.

Por outro lado, a análise dos componentes principais (ACP) permitiu identificar as principais variáveis responsáveis pela divergência. Segundo Alves (2002), a ACP vem ganhando destaque como a metodologia mais utilizada em análise de bancos e/ou coleções de germoplasma, pois além de identificar os caracteres mais importantes na contribuição de variação total disponível entre os indivíduos analisados, fornece indicação para eliminar os que pouco contribuem (DIAS, 1997; ALVES, 2003).

Dessa forma, ao analisar-se, as variáveis que mais contribuíram para distinguir os grupos de acessos formados. Observamos que para os acessos 1 e 2, a variável mais associada a eles foi o número de segmentos intersticiais (NSI) e o número de segmentos laterais (NFL), pois os dois acessos apresentaram os maiores valores para as duas variáveis (Tabela 3, Figura 4), assim como os acessos 3 e 4. Este fator foi determinante para agrupar acessos da espécie *S. chacoense* oriundos da Argentina (Figura 5).

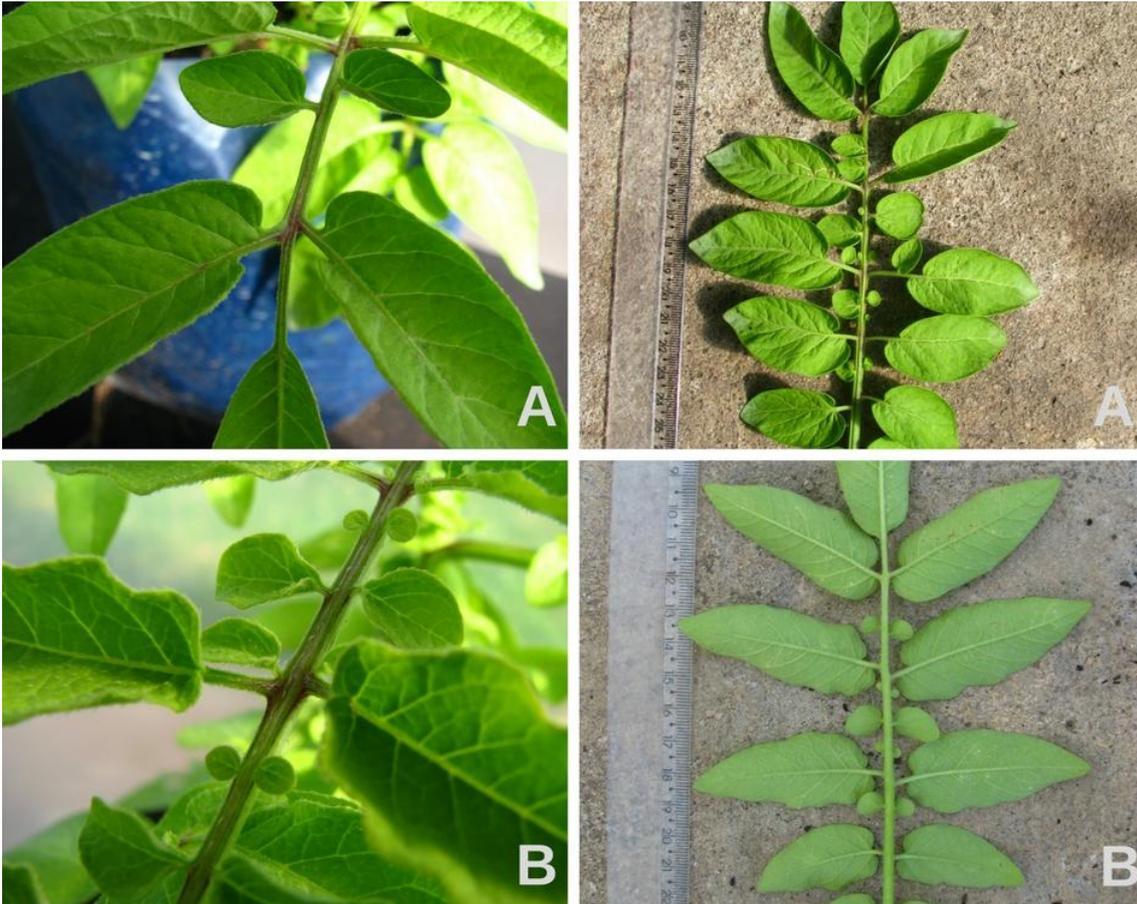


Figura 5 – Variável número de segmentos intersticiais (NSI) nos acessos **A.** BGB94 (*Solanum chacoense*) e **B.** BGB103 (*Solanum chacoense*) ambos oriundos de Córdoba-ARG.

Em relação ao segundo componente, constatou-se que outro conjunto de acessos formado, agrupou os genótipos 49 (BGB56), 50 (BGB 59), 51 (BGB67) e 52 (BGB68), todos representados como *S. commersonii* subsp. *commersonii* coletados no RS, de modo que eles apresentaram como variável associada à coloração predominante da flor (CPF) (Tabela 3, Figura 6).

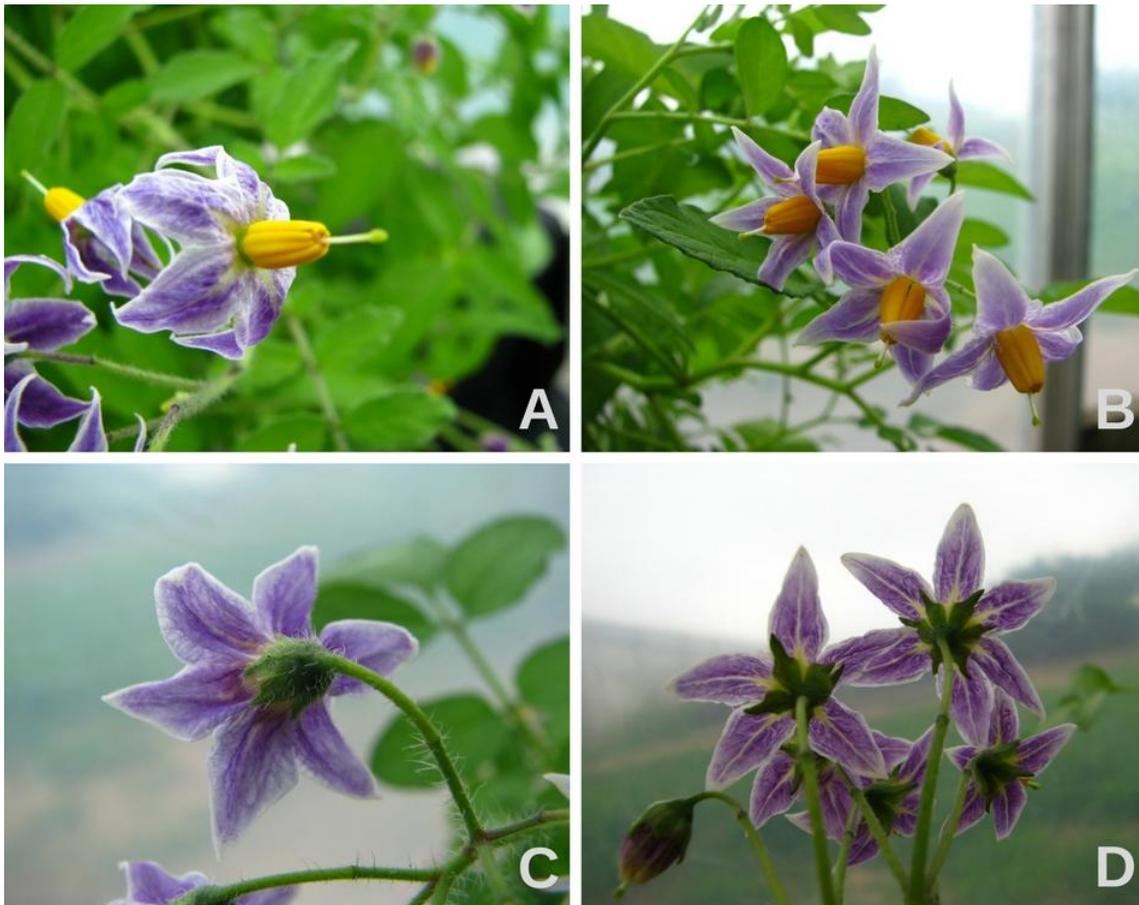


Figura 6 – Variável cor predominante da flor (CPF) em acessos de *S. commersonii* subsp. *commersonii*: **A.** BGB56; **B.** BGB59; **C.** BGB67; **D.** BGB68.

Em outra análise, comparando o acesso 35 (BGB11), em relação ao posicionamento de maneira oposta ao acesso 13 (BGB80) verificou-se que as variáveis coloração predominante da flor (CPF) e intensidade da cor predominante (ICP), mais uma vez foram as mais associadas. (Figura 7). Mentz (2002), na descrição fenotípica das espécies de batatas-silvestres no sul do Brasil fez menção em distinguir as espécies *S. chacoense* e *S. commersonii* através da coloração da flor.



Figura 7 – Variáveis cor predominante da flor (CPF) e intensidade da coloração da flor (ICP) **A.** BGB45 (*S. commersonii* subsp. *commersonii*) **B.** BGB80 (*S. chacoense*).

3.5 Conclusão

Os acessos silvestres de batata conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa, apresenta uma alta variabilidade fenotípica com base na caracterização morfológica. Do total de grupos formados, apenas 10 apresentam genótipos com semelhança fenotípica.

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O primeiro capítulo contribuiu no direcionamento de expedições de coleta de germoplasma de parentes silvestres de batata no Brasil, objetivando o incremento de variabilidade genética no Banco Ativo de Germoplasma de Batata da Embrapa. A metodologia *Gap Analysis* se mostrou eficiente e, portanto, também pode ser utilizada para outras espécies tendo em vista a enorme biodiversidade existente no Brasil. O trabalho permite a orientação das ações para conservação dos recursos genéticos, de maneira a otimizar o uso de recursos demandados em expedições para coleta desses materiais. No caso das batatas-silvestres, a introdução de novos acessos oriundos de áreas até então não amostradas irá aumentar a variabilidade genética no banco de germoplasma da Embrapa Clima Temperado.

Os resultados do segundo capítulo forneceram informações preliminares sobre as características morfológicas dos acessos conservados no BAG. Por fim, salientou-se que mais análises deverão ser aplicadas principalmente relacionados com as demandas dos programas de melhoramento para a incorporação dos parentes silvestres em futuras cultivares.

A coleção de acessos apresentou uma vasta gama de características fenotípicas para os diferentes descritores avaliados. Para aprofundar o conhecimento sobre os genótipos, a experimentação visando a resposta dos acessos a diferentes condições ambientais além da medição quanto a tolerância sobre condições de estresse aumentarão a possibilidade de utilização em programas de melhoramento no futuro. Para estudos posteriores, características de interesse agrônomo devem ser avaliadas com intuito de levantar possíveis genótipos resistentes/tolerantes a estresses bióticos e abióticos, além de proporcionar a exploração de novos mercados.

O método de componentes principais permitiu a identificação das variáveis que mais contribuíram para formação de grupos entre os genótipos de acordo com cada um dos dois componentes selecionados. O primeiro componente se caracterizou por variáveis estruturais presentes nas folhas como o número de segmentos intersticiais, ao passo que o segundo componente de variação foi a coloração dos órgãos como flor e broto.

Esse estudo confirmou a ocorrência de um alto grau de variabilidade fenotípica entre os acessos do BAG, além de fornecer informações preliminares

sobre os acessos conservados, no entanto se faz necessário a aplicação de outros métodos de caracterização, por exemplo, ao nível molecular aliado a avaliação de características com interesse agrônômico, provendo ao melhorista conhecimento dos acessos conservados para formação de coleção nucleares e futuramente utilização em cruzamentos objetivando a obtenção de genótipos superiores e garantir assim o atendimento da demanda crescente por maior produção e exigências de mercado e consumo.

A coleta, caracterização e, por fim, a utilização dos recursos genéticos das espécies cultivadas em programas de melhoramento é fundamental para a sustentabilidade mundial. O futuro das próximas gerações está intimamente relacionado com a superação dos desafios previstos na produção de alimentos. O surgimento de novas cultivares, cada vez mais adaptadas às diferentes condições ambientais, tolerantes a estresses abióticos, áreas degradadas e também a estresses bióticos, proporcionarão o devido abastecimento nutricional para os bilhões de habitantes do planeta. Neste sentido, o melhorista assume grande importância, devendo preconizar ações que visem a coleta, conservação e também a caracterização e uso de germoplasma na tentativa de encontrar novos genes com potencialidade de uso atual ou futuro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABBA. Associação Brasileira da Batata. **Produção Brasileira** 2015. Online. Disponível em:

<http://www.agricultura.gov.br/arq_editor/file/camaras_setoriais/Hortalicas/27RO/A pp_ABBA.pdf. Acesso em: 25 de maio de 2017.

ALVES, R.M.; GARCIA, A.A.F.; CRUZ, E.D.; FIGUEIRA, A. Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.807-818, 2003.

AMARAL JÚNIOR, A.T.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; FINGER, F.L. Utilização de variáveis canônicas e de análise de agrupamentos na avaliação da divergência genética entre acessos de moranga (*Cucurbita maxima* Duchesne). **Horticultura Brasileira**, v. 14, n. 2, p. 182-184, 1996.

ANDRADE, R.; WICKERT, E.; MARTINS, A.; LEMOS, E. Diversidade genética entre progênies e matrizes de rambutan. **Revista Brasileira de Fruticultura**, p. 630-634, 2012.

ANDRE C.; OUFIR M.; GUIGNARD, C.; HOFFMANN, L.; HAUSMAN J.; EVERS, D.; LARONDELLE, Y. Antioxidant profiling of native Andean potato tubers (*Solanum tuberosum* L.) reveals cultivars with high levels of β - carotene, α -tocopherol, chlorogenic acid, and petanin. **Journal of Agriculture and Food Chemistry**, v. 55, p. 10839–10849, 2007

BARBIERI, R.; CASTRO, C.; MITTELMANN, A.; MAGALHÃES JR, A.; PEREIRA, A. **Conservação *ex situ* de recursos genéticos vegetais na Embrapa Clima Temperado** - Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2006. 27 p.

BARBOSA NETO, J. Application of molecular markers to genetic diversity and quantitative trait loci detection studies in oat and wheat. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético Vegetal) -: Cornell University, Ithaca. 1995

BETHKE, P.; HALTERMAN D.; JANSKY, S. 2017. Are we getting better at using wild potato species in light of new tools? **Crop Science**, v. 57, p. 1–18. 10.2135/cropsci2016.10.0889

BISOGNIN, D. Melhoramento da batata para resistência às doenças. In: PEREIRA, A.; DANIELS, J. **O cultivo da batata na região sul do Brasil. Embrapa Clima Temperado**. – Brasília, D.F.: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. p. 125 – 142.

CASTAÑEDA-ÁLVAREZ, N.; HAAN S.; JÚAREZ, H.; KHOURY, C.; ACHICANOY, H.; SOSA, C.; BERNAU, V.; SALAS, A.; HEIDER, B.; SIMON R.; MAXTED, N.; SPOONER, D. *Ex situ* conservation priorities for the wild relatives of potato (*Solanum* L. section Petota). **PLoS One**, v. 10, n. 4, p. e0122599, 2015.

CASTAÑEDA-ÁLVAREZ, N.; KHOURY, C.; ACHICANOY, H.; BERNAU, V.; DEMPEWOLF, H.; EASTWOOD, R.; GUARINO, L.; HARKER R.; JARVIS, A.; MAXTED, N.; MÜLLER, J.; RAMIREZ-VILLEGAS, J.; SOSA, C.; SRUIK, P.; VICENT, H.; TOLL J. Global conservation priorities for crop wild relatives. **Nature plants**, v. 2, p. 16022, 2016.

CASTRO, C. A batata. In: BARBIERI, R.; STUMPF, R. **Origem e evolução de plantas cultivadas**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. p. 219 – 234.

CARDI, T.; AMBROSIO, F.D; CONSOLI, D.; PUÍTE, K.J.; RAMULU, K.S. Production of somatic hybrids between frost-tolerant *Solanum commersonii* and *S. tuberosum*: characterization of hybrid plants. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 87, n. 1, p. 193-200, 1993.

CRIA, 2016. Centro de Referência em Informação Ambiental. Disponível em: <http://www.splink.cria.org.br>. Acesso em: 10 Nov 2016.

COLLARES, E.; CHOER, E.; PEREIRA, A. **Caracterização morfológica de cultivares e clones avançados de batata por descritores necessários à proteção legal**. Embrapa Clima Temperado, 2002.

CONCEIÇÃO, A. **Seleção de descritores e análise de agrupamento em acessos de tabaco**. 2015. 111 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Cruz das Almas, Bahia, 2015

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Diversidade genética. In: CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. (Ed.). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v. 2, Cap. 6, p. 358-413. 2014.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. Agronomy. Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Editora UFV, 1994. 394 p.

DIAS, L.; KAGEYAMA, P.; CASTRO, G. Divergência genética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.). **Agrotropica**, v.9, p.29-40, 1997.

DORMANN, C.; ELITH, J.; BACHER, S.; BUCHMANN, C.; CARL, G.; CARRÉ, G.; MARQUÉZ, J.; GRUBER, B.; LAFOURCADE, B.; LEITÃO, P.; MÜNKMÜLLER, T.; MCCLEAN, C.; OSBORNE, P.; REINEKING, B.; SCHÖDER, B.; SKIDMORE, A.; ZURELL, D.; LAUTENBACH, S. Collinearity: a review of methods to deal with it and a simulation study evaluating their performance. **Ecography**, v. 36, n. 1, p. 27-46, 2013.

FAO. Potato World. In: **International Year of the Potato**. 2008 Disponível em: <<http://www.fao.org/potato-2008/en/world/index.html>> Acesso em: 04 maio 2017.

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

FOLEY, J.; RAMANKUTTY, N.; BRAUMAN, K.; CASSIDY, E.; GERBER, J. JOHNSTON, M.; MUELLER, N.; O'CONNEL C.; RAY, D.; WEST, P.; BALZER, C.; BENNET, E.; CARPENTER, S.; HILL, J.; MONFREDA, C.; POLASKY, S.; ROCKSTRÖM, J.; SHEEHAN, J.; SIEBERT, S.; TILMAN, D.; ZAKS, D. Solutions for a cultivated planet. **Nature**, v. 478, n. 7369, p. 337-342, 2011.

FRANCO, T.; HIDALGO, R. **Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Morfológica de Recursos Fitogenéticos-Boletín Técnico IPGRI No. 8**. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI), Cali, Colombia, Bioversity International, 2003. 89p.

GITAHpapa. **Oportunidades no sector da batata**; Brasil: uma análise das cadeias de valor das sementes até o produto final. 2015. Disponível em: <http://www.agriment.com/files/oportunidades_no_sector_da_batatas_no_brasil.pdf>. Acesso em: 25 de Maio de 2017.

GÓMEZ R. **Guía para las Caracterizaciones Morfológicas Básicas em Colecciones de Papas Nativas**. Centro Internacional de la papa (CIP), Lima, Perú, 2000. 27 p.

GONZÁLEZ, M.; GALVAN, G.; SIRI, M.; BORGES, A.; VILARÓ, F. Resistencia a la marchitez bacteriana de la papa en *Solanum commersonii* Dun. **Agrociencia Uruguay**, v. 17, n. 1, p. 45-54, 2013.

GRAHAM, M. Confronting multicollinearity in ecological multiple regression. **Ecology**, v. 84, n. 11, p. 2809-2815, 2003.

HAWKES, J. **The potato: evolution, biodiversity and genetic resources**. Belhaven Press, 1990.

HIJMANS, R.; CAMERON, S.; PARRA, J.; JONES, P.; JARVIS, A. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. **International journal of climatology**, v. 25, n. 15, p. 1965-1978, 2005.

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

HUAMÁN, Z. Descriptores de Papa para la Caracterización Básica de Colecciones Nacionales. Edición actualizada. Centro Internacional de la Papa (CIP), Lima. 10p. 1994.

JANSKY, S.; HAMERNIK, A.; BETHKE, P. Germplasm release: Tetraploid clones with resistance to cold-induced sweetening. **American journal of potato research**, v. 88, n. 3, p. 218-225, 2011.

JANSKY, S.; DAWSON, J.; SPOONER, D. How do we address the disconnect between genetic and morphological diversity in germplasm collections? **Am. J. Bot.** 1213–1215. doi: 10.3732/ajb.1500203. 2015

LYNCH, D.; KAWCHUCK, L.; HACHEY, J.; BAINS, P.; HOWARD, R. Identification of a gene conferring high levels of resistance to *Verticillium* wilt in *Solanum chacoense*. **Plant Disease**, v. 81, n. 9, p. 1011-1014, 1997.

MALACRIDA, C. R; DA MOTTA, S. **Antocianinas em suco de uva: composição e estabilidade**. B.CEPPA, Curitiba, v. 24, n. 1, p. 59-82 jan./jun. 2006.

MAPA. Ministério da Agricultura. **Formulário e Descritores mínimos para proteção de cultivares. Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de batata.** Publicado no DOU nº 39, de 27/02/2012, Seção 1, Páginas 3 e 4. Disponível em: http://www.agricultura.gov.br/arq_editor/BATATA_FORMULARIO_REVISADO_27FEV12P.doc. Acesso: 25 out. 2016.

MAXTED, N., DULLOO, E.; FORD-LLOYD, B.; IRIONDO, J.; JARVIS, A. Gap analysis: a tool for complementary genetic conservation assessment. **Diversity and Distributions**, v. 14, n. 6, p. 1018-1030, 2008

MAXTED, N.; KELL, S. **Establishment of a global network for the in situ conservation of crop wild relatives: status and needs.** FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, Rome, Italy. 2009.

MENTZ, Lilian Auler.; OLIVEIRA, Paulo Luiz. **Solanum (Solanaceae) na região Sul do Brasil.** São Leopoldo, Instituto Anchieta de Pesquisas, Botânica, nº 54, 2004. 327 p.

MMA. Ministério do Meio Ambiente. **Biodiversidade brasileira.** Disponível em: <http://www.mma.gov.br/biodiversidade/biodiversidade-brasileira>. Acesso em: 27 de julho de 2016.

NABHAN, G. **Wild Phaseolus ecogeography in the Sierra Madre Occidental, Mexico: areographic techniques for targeting and conserving species diversity.** IBPGR, 1990. 35 p.

PEREIRA, A.; DANIELS, J. **O cultivo da batata na região sul do Brasil.** Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. 567 p.

PEREIRA, A.; SILVA, G. ; CASTRO, C. Melhoramento de batata. In: NICK, C; BOREM, A (eds.). **Melhoramento de hortaliças.** Viçosa: Editora UFV, 2016, p. 128-157.

PERRIER, X.; FLORI, A.; BONNOT, F. Data analysis methods. In: HAMON, P.; SEGUIN, M.; PERRIER, X.; GLASZMANN, J. **Genetic diversity of cultivated tropical plants.** Enfield, Science Publishers. Montpellier. 2003. p 43 - 76.

RAMÍREZ-VILLEGAS, J.; KHOURY, C.; JARVIS A.; DEBOUCK, D.; GUARINO L. A gap analysis methodology for collecting crop gene pools: a case study with Phaseolus beans. **PloS one**, v. 5, n. 10, p. 1 - 18, 2010.

RAMOS, S.; QUEIRÓZ, M.; CASALI, V.; CRUZ, C. Recursos genéticos de Cucurbita moschata: caracterização morfológica de populações locais coletadas no Nordeste brasileiro. In: QUEIRÓZ MA; GOEDERT CO; RAMOS SRR (eds). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**. 1999. (on line). Versão 1.0. Petrolina-PE: Embrapa Semi-Árido/ Brasília-DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Disponível em <http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livrorg/abobora.pdf>. Acesso em 10 maio 2017.

RITSCHHEL, P.; THOMAZELLI, L.; HUAMÁN, Z. **Caracterização morfológica do germoplasma de batata-doce mantido pela EPAGRI**. 1998. Disponível em: <<http://www.cnph.embrapa.br/pa/pa16.html>>. Acesso em: 06 fev. 2017.

RODRIGUES, K. **Variabilidade genética do trigo**. 2003. Disponível em: <<http://www.ufv.br/dgb/bioano01/div33.html>>. Acesso em: 14 fev. 2011.

Solanum in **Flora do Brasil 2020 em construção**. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/>>. Acesso em: 02 Ago. 2016.

SPECIES LINK. 2015. Online. Disponível em <http://smlink.cria.org.br/>. Acesso em 14 jul. 2016.

SPOONER, D.; BERG, R. An analysis of recent taxonomic concepts in wild potatoes (*Solanum* sect. *Petota*). **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 39, n. 1, p. 23-37, 1992.

TANKSLEY, S.; MCCOUCH, S. 1997. Seed banks and molecular maps: Unlocking genetic potential from the wild. **Science** 277:1063–1066. doi:10.1126/science.277.5329.1063

TILMAN, D.; BALZER, C.; HILL, J.; BEFORT, B.. Global food demand and the sustainable intensification of agriculture. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 108, n. 50, p. 20260-20264, 2011.

THIERS, B. **Index herbariorum: a global directory of public herbaria and associated staff**. 2017. Acessado em 14 maio 2017. Online. Disponível em <http://sweetgum.nybg.org/ih/>

VALLS, F. Caracterização morfológica, reprodutiva e bioquímica de germoplasma vegetal. In: **ENCONTRO SOBRE RECURSOS GENÉTICOS**, 1.; 1988, Jaboticabal. Anais... Jaboticabal: UNESP, 1988. p.106-128.

VAN TREUREN, R.; MAGDA, R.; HOEKSTRA C.; VAN HINTUM, T. 2004. Genetic and economic aspects of marker-assisted reduction of redundancy from a wild potato germplasm collection. *Genet. Resour. Crop Evolution* v. 51, p. 277–290. doi:10.1023/B:GRES.0000024013.27067.ac

VILELA-MORALES, E.; VALOIS, A. 2000. Recursos genéticos vegetais autóctones e seus usos no desenvolvimento sustentável. *Cadernos de Ciência e Tecnologia* v. 17, p. 1142.

WALTER, B.; CAVALCANTI, T. **Fundamentos para a coleta de germoplasma.** Brasília, DF: Embrapa, 2005. 778 p.