

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



Dissertação

**Variabilidade genética e tolerância ao déficit hídrico em
genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.)**

Angela Rohr

Pelotas, 2012

Angela Rohr

**Variabilidade genética e tolerância ao déficit hídrico em genótipos de batata
(*Solanum tuberosum* L.)**

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).

Orientadora: Caroline Marques Castro – Embrapa Clima Temperado

Co-Orientador: Arione da Silva Pereira – Embrapa Clima Temperado

Pelotas, 2012

Dados de catalogação na fonte:
(Marlene Cravo Castillo – CRB-10/744)

R737v Rohr, Angela

Variabilidade genética e tolerância ao déficit hídrico em genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) / Angela Rohr ; orientador Caroline Marques Castro; co-orientador Arione da Silva Pereira - Pelotas, 2012.-64f. ; il..- Dissertação (Mestrado) –Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel . Universidade Federal de Pelotas. Pelotas, 2012.

1.Solanum tuberosum 2.Caracterização molecular
3.Microsatélites 4.Estresse abiótico I.Castro, Caroline
Marques (orientador) II.Título.

CDD 633.491

Banca examinadora:

Dr^a. Caroline Marques Castro – Embrapa Clima Temperado (presidente)

Dr. Dilson Antônio Bisognin – Departamento de Fitotecnia - MPVP/UFSM

Dr. Antonio Costa de Oliveira – Departamento de Fitotecnia - FAEM/UFPel

Dr^a. Rosa Lía Barbieri – Embrapa Clima Temperado

Aos meus pais Irineu e Ivete

Dedico

Agradecimentos

À Deus por sempre guiar o meu caminho.

À Embrapa Clima Temperado pela oportunidade e infra-estrutura disponibilizada ao desenvolvimento deste trabalho.

À Embrapa e ao CNPq pelo apoio financeiro ao projeto de melhoramento de batata.

Ao Programa de Pós-graduação em Agronomia da UFPel, pela oportunidade de realização do curso.

A CAPES, pela bolsa de estudos.

À minha orientadora Caroline Marques Castro, pela excelente orientação, por todo o aprendizado, amizade e incentivo.

Aos meus pais Irineu e Ivete, meus irmãos Luiz Felipe, Ailton e Andrea pelo incentivo e amor incondicional.

Aos professores Antonio Costa de Oliveira, Rosa Lía Barbieri e Luciano Carlos da Maia pelos ensinamentos.

Ao pesquisador e co-orientador Arione da Silva Pereira por não medir esforços em ajudar.

Aos colegas e amigos pelos bons momentos durante esse período de mestrado Mariana, Taíse, Dani, Carla, Clau, Jú, Glacy, Natércia, Raquel N., Raquel K., Roberta, Taiane, Liane, Laerte, Marene e Rebeca.

Ao pesquisador Antônio Lourenço Guidoni pela ajuda nas análises estatísticas. Ao pesquisador Carlos Reisser Júnior e ao Fabiano Simões pela ajuda nas avaliações fisiológicas.

Aos meus familiares, em especial aos meus avós Albino e Nair, e Eugênio e Eleonora e ao cunhado Robson Ceolin.

Ao Marcus Fipke pela compreensão e apoio na etapa final do mestrado.

As gurias que divido apartamento Greici, Simoni e Fernanda.

À todos os colegas e amigos do Fitomelhoramento.

Enfim, a todos que de uma maneira ou outra contribuíram para a realização deste trabalho.

"Se você pensa que pode ou se pensa que não pode, de qualquer forma você está certo."

Henry Ford

Resumo

ROHR, Angela. **Variabilidade genética e tolerância ao déficit hídrico em genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.)**. 2012. 64f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

A batata é o terceiro principal alimento no mundo e é um dos cultivos mais sensíveis ao déficit hídrico. Diante do cenário de mudanças climáticas o cultivo de batata está fortemente ameaçado, sendo urgente a necessidade de desenvolver variedades adaptadas a essa demanda. Este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de caracterizar a estrutura genética do germoplasma usado pelo programa de melhoramento da Embrapa e avaliar a resposta de genótipos de batata submetidos ao déficit hídrico em duas épocas de cultivo. O primeiro trabalho, para caracterizar a estrutura genética do germoplasma do programa de melhoramento de batata da Embrapa foi caracterizado 131 genótipos com sete *loci* SSR. Como resultado, embora o germoplasma avaliado tenha mostrado uma ampla variabilidade genética e não estruturada, há uma tendência de estreitamento da base genética que está efetivamente sendo utilizada pelo programa. No segundo trabalho, com o objetivo de verificar a resposta de genótipos de batata ao estresse hídrico foram avaliados doze genótipos, em duas épocas, primavera e outono, em cultivo hidropônico com o uso de polietilenoglicol simulando um déficit hídrico -0,129 Megapascal (MPa). Durante o experimento foram mensurados vários caracteres morfo-agronômicos, como a massa seca de raiz e de parte aérea e o número e massa seca de tubérculos produzidos por planta. Com base nos resultados obtidos foi constatado que os genótipos de batata respondem diferencialmente ao estresse hídrico dependendo da época de cultivo, se primavera ou outono. Também foi observado que o estresse hídrico provoca um efeito negativo no desenvolvimento e produção de tubérculos sendo que esse efeito é mais pronunciado no cultivo de primavera do que no outono.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum*. Caracterização molecular. Microsatélites. Estresse abiótico.

Abstract

ROHR, Angela. **Genetic variability and tolerance to water deficit in genotypes of potato (*Solanum tuberosum* L.)**. 2012. 64f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

The potato is the third major food crop in the world and is one of the most sensitive species to water deficit. Given the climate change scenario, the cultivation of potato is highly threatened, and it is urgent the need to develop varieties adapted to this demand. This work was developed aiming to characterize the genetic structure of the potato germplasm from Embrapa breeding program and to evaluate the response of potato genotypes to water deficit in two growing seasons. To evaluate the genetic structure from potato germplasm, 131 genotypes were characterized with seven SSR loci. The results showed that although the evaluated germplasm has shown a wide and unstructured genetic variability, there is a trend of narrowing the genetic base that is actually being used by the breeding program. To evaluate the response of potato genotypes to drought stress, 12 genotypes were evaluated in two seasons, spring and fall, in hydroponic culture using polyethyleneglycol to simulate a water deficit of -0.129 MPa. The genotypes were evaluated with respect to various morphological and agronomic characters, such as root and shoot dry weight as well as number of tubers produced per plant. Based on the results of this work can be seen that the potato genotypes respond differently to drought stress depending on the growing season that it is cultivated, if spring or fall. It was also found that the negative effect of drought stress in tuber development and yield is more pronounced in spring season than in autumn.

Keywords: *Solanum tuberosum*. Molecular characterization. Microsatellites. Abiotic stress.

Lista de figuras

1 Variabilidade genética no germoplasma de batata do programa de melhoramento da Embrapa

Figura 1 Dendrograma obtido a partir do coeficiente de similaridade de Jaccard, pelo método aglomerativo UPGMA, para 131 genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.). Pelotas, 2012. _____26

Figura 2 Dispersão gráfica de 131 genótipos de batata pela análise de coordenadas principais com base na caracterização de sete *loci* SSR. Pelotas, 2012. _____28

Lista de tabelas

1 Variabilidade genética no germoplasma de batata do programa de melhoramento da Embrapa

Tabela 1 Identificação, genealogia e país de origem dos 131 genótipos de batata caracterizados com marcadores microssatélites. Pelotas, 2012. _____17

Tabela 2 Conteúdo de informação do polimorfismo (PIC) de sete *locus* SSR com base na caracterização de 131 genótipos de batata e o respectivo número de alelos identificados por *locus*, tamanho dos alelos identificados e amplitude das frequências alélicas, Pelotas, 2012. _____22

Tabela 3 Identificação dos genótipos de batata que constituíram cada um dos grupos formados pelo dendrograma usando como ponto de corte a similaridade média geral entre os 131 genótipos analisados com sete *loci* SSR, Pelotas, 2012. _____27

Tabela 4 Resultado da análise molecular da variância (AMOVA) para os 131 genótipos de batata avaliados com dois modelos de estrutura genética, Pelotas, 2012. _____29

2 Resposta de genótipos de batata ao estresse hídrico em duas épocas de cultivo

Tabela 1 Dados de temperatura registrados durante o período do experimento. Pelotas, 2012. _____37

Tabela 2 Genótipos de batata avaliados no experimento. Pelotas, 2012. _____37

Tabela 3 Nível mínimo de significância das fontes de variação do experimento bloco (B), época de cultivo (EC), estresse hídrico (EH) e genótipo (G), bem como do desdobramento das interações, para as variáveis: dias para iniciar tuberização (DIT), massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca de raiz (MSR), número total de tubérculos (NTT), número de tubérculos grandes (NTG), número de tubérculos pequenos (NTP), massa seca de tubérculos grandes (MSTG), massa seca de tubérculos pequenos (MSTP), massa seca total de tubérculos (MST) e peso médio de tubérculos (PMT). Pelotas, 2012. _____41

Tabela 4 Dias para iniciar a tuberização (DIT) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012. _____43

Tabela 5 Massa seca de parte aérea (MSPA) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012. _____45

Tabela 6 Massa seca de raiz (MSR) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012. _____ 45

Tabela 7 Número total de tubérculos (NTT) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012. _____ 47

Tabela 8 Número de tubérculos grandes (NTG) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012. _____ 48

Tabela 9 Número de tubérculos pequenos (NTP) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012. _____ 49

Tabela 10 Massa seca de tubérculos grandes (MSTG) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012. _____ 50

Tabela 11 Massa seca de tubérculos pequenos (MSTP) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012. _____ 51

Tabela 12 Massa seca total de tubérculos (MSTT) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012. _____ 53

Tabela 13 Peso médio de tubérculos (PMT) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012. _____ 54

Sumário

Resumo	VI
Abstract	VII
Lista de figuras	VIII
Lista de tabelas	IX
Introdução geral	12
1 Variabilidade genética no germoplasma de batata do programa de melhoramento da Embrapa	14
Resumo	14
1.1 Introdução	15
1.2 Material e Métodos	17
1.3 Resultados e discussão	22
1.4 Conclusões	30
1.5 Referências	31
2 Resposta de genótipos de batata ao estresse hídrico em duas épocas de cultivo	34
Resumo	34
2.1 Introdução	35
2.2 Material e métodos	37
2.3 Resultados e discussão	40
2.4 Conclusões	56
2.5 Referências	57
3 Considerações finais	61
4 Referências da Introdução geral	62
5 Vitae	63
6 Apêndice	64

1. Introdução geral

A batata cultivada (*Solanum tuberosum* L.), espécie autotetraplóide ($2n= 4x = 48$), é o terceiro principal alimento no mundo (FAOSTAT, 2011) e apresenta características que permitem nutrir a crescente população mundial, por ser fonte de energia e conter elevado teor de proteínas, vitaminas e minerais (QUADROS et al., 2004).

Anualmente são produzidas cerca de 320 milhões de toneladas de batata em uma área próxima aos 19 milhões de hectares distribuídos nos cinco continentes do globo terrestre. No Brasil, a produção anual de batata é superior a três milhões de toneladas e são cultivados aproximadamente 100 mil hectares, distribuídos nas regiões de clima tropical e subtropical do país (AGRIANUAL, 2011).

Frente ao contexto de mudanças nas condições climáticas, resultando em temperaturas mais elevadas, períodos de seca e padrões de precipitação mais irregulares, a produção de batata será afetada em muitas regiões (EVERS et al., 2010). O agronegócio da batata no Brasil está fortemente ameaçado pelas perspectivas do novo cenário climático mundial. Há um prognóstico de que ocorrerá uma diminuição em 23 % na produção de batata no país em decorrência da elevação da temperatura e de déficit hídrico nas regiões produtoras (HIJMANS, 2003; LOPES et al., 2011).

Com isso, o desenvolvimento de cultivares tolerantes à seca é, portanto, necessário tanto para manter os padrões de produtividade, como para possibilitar a extensão da agricultura para áreas de cultivo sub-ótimas (LEGAY et al., 2011). Muitos caracteres são considerados na seleção de novas cultivares de batata, sendo um desafio identificar genótipos com características superiores. Isto se deve, em grande parte, ao estreitamento da base genética da cultura (BRADSHAW, 2007).

Para o crescimento de um programa de melhoramento genético, há a necessidade de variabilidade genética, a fim de se obter progresso na seleção artificial. Como passo inicial do melhoramento é importante a caracterização da diversidade genética do germoplasma disponível (GUERRA; NODARI, 2001). O sucesso de qualquer programa de melhoramento é dependente do conhecimento da variabilidade presente na espécie de interesse (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Diante do exposto, este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de caracterizar a estrutura genética do germoplasma usado pelo programa de melhoramento genético da Embrapa e avaliar a resposta de genótipos de batata submetidos ao déficit hídrico em duas épocas de cultivo.

Esta dissertação está dividida em dois capítulos, o primeiro com a caracterização da variabilidade e estrutura genética do germoplasma que atualmente está sendo utilizada pelo programa de melhoramento genético da Embrapa e o segundo abordando a resposta de genótipos de batata, cultivados em duas épocas, primavera e outono, submetidos a duas condições hídricas, sem déficit e com estresse hídrico.

Capítulo 1

Variabilidade genética no germoplasma de batata do programa de melhoramento da Embrapa

Resumo

A necessidade de desenvolver cultivares de batata (*Solanum tuberosum* L.) que atendam às inúmeras demandas de mercado e do sistema produtivo é um desafio constante dos programas de melhoramento. Os avanços obtidos são dependentes da variabilidade genética disponível ao programa. Nesse sentido, vários trabalhos vêm mostrando que a caracterização do germoplasma com técnicas moleculares têm proporcionado um uso mais eficiente desses recursos genéticos. O objetivo deste trabalho foi conhecer a variabilidade genética que está sendo utilizada pelo programa de melhoramento genético de batata da Embrapa e assim fornecer subsídios para explorar de forma mais eficiente esse germoplasma. Foram caracterizados com marcadores microssatélites (SSR) 131 genótipos da coleção de trabalho do programa de melhoramento genético de batata da Embrapa. O germoplasma avaliado é composto por cultivares e clones avançados desenvolvidos por programas de melhoramento brasileiros, e oriundos de outros países. Para a caracterização molecular foram analisados sete *loci* SSR, gerando um total de 28 alelos. O conteúdo de informação do polimorfismo (PIC) variou de zero a 0,64. O coeficiente de similaridade de Jaccard apresentou uma amplitude de 0,29 a 0,92, com uma média geral de 0,36, mostrando uma grande variabilidade, sendo identificados oito grupos no dendrograma. Pela análise de coordenadas principais as duas primeiras coordenadas explicaram 17,03% da variação total. Embora não tenha sido evidenciada a formação de grupos claramente distintos, as cultivares mais recentes, liberadas a partir da década de 90, ficaram agrupadas na porção inferior do gráfico, mostrando uma tendência de isolamento dos demais genótipos. Para verificar se a variabilidade genética encontrada no germoplasma desenvolvido no Brasil é distinta daquela proveniente de outros países, bem como se o germoplasma da América do Sul é distinto daquele oriundo de outros continentes foi realizada a análise molecular da variância (AMOVA). O resultado de ambas as comparações não foi significativo, indicando que não há subdivisão do germoplasma de batata avaliado em função da sua origem. Pode-se concluir que o germoplasma avaliado apresenta uma ampla variabilidade genética, entretanto, há uma tendência de estreitamento da base genética que está efetivamente sendo utilizada. A caracterização desse germoplasma permite a identificação de genótipos contrastantes possibilitando um direcionamento nas futuras hibridações a fim de ampliar o pool gênico utilizado pelo programa.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum*. Caracterização molecular. Microssatélites.

1.1 Introdução

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é o terceiro cultivo alimentar mais importante no mundo, após o arroz, trigo e o milho, com uma produção anual global de cerca de 300 milhões de toneladas (FAOSTAT, 2012). As exigências do mercado, assim como as constantes alterações que o sistema produtivo é exposto, fazem com que um número cada vez maior de caracteres seja necessário para atender a demanda por novas cultivares (BRADSHAW, 2007). Cerca de 40 diferentes caracteres são considerados no processo de seleção em um programa de melhoramento de batata (GEBHARDT et al., 2007).

O sucesso no desenvolvimento de novas cultivares é dependente da diversidade genética encontrada no germoplasma (ORTMAN; PETERS, 1980). Tendo em vista que a base genética do germoplasma cultivado de batata é estreita, em função do número limitado de genótipos originalmente introduzidos na Europa, (THE POTATO GENOME SEQUENCING CONSORTIUM, 2011), é fundamental explorar de forma eficiente a base genética disponível aos programas de melhoramento. Nesse sentido, estudos que caracterizem a variabilidade que compõe o germoplasma são extremamente importantes (MOHAMMADI; PRASANNA; 2003). Esses estudos contribuem para ampliar a base genética dos programas de melhoramento por meio do direcionamento de cruzamentos entre genitores divergentes (FU et al., 2009).

Os marcadores moleculares têm sido utilizados com sucesso em estudos de diversidade genética em plantas (BERED et al., 2005). Nos últimos anos, trabalhos de caracterização da variabilidade genética de distintas coleções de germoplasma de batata vêm sendo realizados em vários países, tais como, no México (CASTRO et al., 2006), na Espanha (GALARRETA et al., 2007), no Canadá (FU et al., 2009), na Letônia (ZHUK et al., 2008), na República Tcheca (NOVÁKOVÁ et al., 2010), no Quênia (LUNG'AHU et al., 2011) e no Brasil (FAVORETTO et al., 2011).

O programa de melhoramento genético de batata da Embrapa sofreu uma reestruturação em 2004. A partir deste ano, as ações de melhoramento de batata coordenadas pela Embrapa foram agregadas em um único projeto resultante da fusão das atividades do programa de melhoramento da Embrapa Clima Temperado,

iniciado na década de 40, no extinto Instituto Agrônômico do Sul, e do programa da Embrapa Hortaliças, iniciado na década de 70. Desse novo programa, que é conduzido pelas Unidades de Clima Temperado, Hortaliças e Transferência de Tecnologia/EN-Canoinhas e tem como parceiros o Iapar (Curitiba, PR) e a Epagri (São Joaquim, SC), foram lançadas as cultivares BRS Ana, em 2007 e a BRS Clara, em 2010.

Os últimos estudos de caracterização molecular envolvendo o germoplasma de batata utilizado no programa de melhoramento da Embrapa foram realizados com base na coleção de trabalho de antes da nova reestruturação do programa (COLLARES et al., 2004; SILVA et al., 2009).

O objetivo do presente trabalho foi caracterizar a variabilidade genética que está sendo utilizada pelo programa de melhoramento genético da Embrapa e assim conhecer a estrutura genética do germoplasma disponível ao programa para traçar estratégias para melhor explorar essa variabilidade.

1.2 Material e Métodos

O trabalho foi desenvolvido no Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Clima Temperado, em Pelotas - RS. Foram caracterizados com marcadores microssatélites (SSR) 131 genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) que compõem a coleção de trabalho do programa de melhoramento da Embrapa. Destes, 10 são cultivares desenvolvidas por programas de melhoramento nacionais, 24 são cultivares oriundas de outros países (Holanda, Hungria, Itália, Argentina, Alemanha, Estados Unidos, Peru, Irlanda, Canadá, Índia, Chile e Itália), 82 são clones avançados do programa de melhoramento da Embrapa e 14 são clones desenvolvidos por programas de outros países (França, Chile e do Peru) e uma variedade local (tab.1).

Tabela 1 – Identificação, genealogia e país de origem dos 131 genótipos de batata caracterizados com marcadores microssatélites. Classificação do germoplasma em cultivar (C) ou clone avançado (CA). Pelotas, 2012.

Genótipo	Identificação	Genealogia	Origem	Classificação ¹
1	Amorosa	Arinda x Impala	Holanda	C
2	Ana	C1750-15-95 x Asterix	Brasil	C
3	Chipsona	Desconhecida	Índia	C
4	Monalisa	Bierma A 1-287 x Colmo	Holanda	C
5	Imola	Arsy x P818.1	Itália	C
6	Eliza	Edzina x Recent	Brasil	C
7	Markies	Fianna x Agria	Holanda	C
8	Shepody	Bake-King x F 58050	Canadá	C
9	Rioja	KE.7 x 1-71.17/6 N+R	Hungria	C
10	White Lady	KE.40 x 1-71.17/6 N+B	Hungria	C
11	97F1620	Desconhecida	França	CA
12	97F8532	Desconhecida	França	CA
13	R82263-3	Desconhecida	Chile	CA
14	R89043-50	Desconhecida	Chile	CA
15	2197-15	C92.140 x C90.266	Brasil	CA
16	58.97-1	Desconhecida	França	CA
17	C1740-11-95	C1226-35-80 x Atlantic	Brasil	CA
18	2AC-999-263-70	Desconhecida	Brasil	CA
19	2CRI-1149-1-78	C1086-22-75 x Baronesa	Brasil	CA
20	C1730-7-94	ND860-2	Brasil	CA
21	Clara	White Lady x Catucha	Brasil	C
22	118.1	White Lady x 2CRI-1149-1-78	Brasil	CA
23	PCD-03-11	Rioja x C1740-11-95	Brasil	CA
24	C2236-15-02	C1783-8-96 x Imola	Brasil	CA
25	C2275-14-02	Rioja x Eliza	Brasil	CA
26	C2278-05-02	C1750-15-95 x Asterix	Brasil	CA
27	C-2297-01-02	Cyklamen x C1750-15-95	Brasil	CA
28	C2307-01-02	Van Der Plank x Eliza	Brasil	CA
29	C2309-01-02	C-1485-16-87 x Asterix	Brasil	CA
30	C2392-03-02	LR 93156 x 92.187	Peru	CA/RVY
31	C2076-02-00	Santo Amor x C92.187	Peru	CA/RVY

...continuação tab.1

32	F88-01-05	Asterix x 2CRI-1149-1-78	Brasil	CA
33	F27-03-06	White Lady x C1730-7-94	Brasil	CA
34	F48-07-06	Rioja x Eliza	Brasil	CA
35	F52-03-06	Asterix x C1883-22-97	Brasil	CA
36	F53-01-06	BP1 x C1883-22-97	Brasil	CA
37	F53-02-06	BP1 x C1883-22-97	Brasil	CA
38	F63-01-06	C1750-15-95 x C1883-5-97	Brasil	CA
39	F68-04-06	White Lady x C1742-8-95	Brasil	CA
40	F74-23-06	White Lady x 2CRI-1149-1-78	Brasil	CA
41	F98-03-05	Desconhecida	Brasil	CA
42	F74-26-06	White Lady x 2CRI-1149-1-78	Brasil	CA
43	F79-01-06	C1787-14-96 x Ona	Brasil	CA
44	F80-03-06	Desconhecida	Brasil	CA
45	F81-01-06	Asterix x C1750-15-95	Brasil	CA
46	F85-01-06	Rioja x 2CRI-1149-1-78	Brasil	CA
47	F119-01-06	Cyklamen x C1226-35-80	Brasil	CA
48	R91121-17	Desconhecida	Chile	CA
49	MB984601	Desconhecida	Brasil	CA
50	Voyager	RZ 85-238 x Obelix	Holanda	C
51	C2504-8-05	C1750-15-95 x C1883-22-97	Brasil	CA/BA
52	C2513-7-05	C1890-1-97 x C1226-35-80	Brasil	CA/BA
53	C2519-12-05	Asterix x C1883-22-97	Brasil	CA/BA
54	C2524-3-05	C1786-9-96 x C1883-22-97	Brasil	CA/BA
55	C2524-19-05	C1786-9-96 x C1883-22-97	Brasil	CA/BA
56	C2530-17-05	C1750-15-95 x C1890-1-97	Brasil	CA/BA
57	C2530-1905	C1750-15-95 x C1890-1-97	Brasil	CA/BA
58	C2538-1-05	CIP393.002.6 x Cristal	Brasil	CA/RR
59	C2540-2-05	CIP393.385.39 x Eliza	Brasil	CA/RR
60	C2545-2-05	CIP385.524.9 x C1750-15-95	Brasil	CA/RR
61	C2550-4-05	CIP391.011.17 x Cristal	Brasil	CA/RR
62	C2551-1-05	CIP381.403.8 x Cristal	Brasil	CA/RR
63	C2553-1-05	CIP391.011.17 x C1740-11-95	Brasil	CA/RR
64	C2555-1-05	CIP392.657 x Cristal	Brasil	CA/RR
65	C2557-2-05	CIP393.242.50 x C1750-15-95	Brasil	CA/RR
66	C2572-3-05	CIP393.077.159 x C1226-35-80	Brasil	CA/RR
67	C2573-4-05	CIP393.556.4 x C1786-6-96	Brasil	CA/RR
68	C2576-1-05	CIP381.403.8 x C1786-6-86	Brasil	CA/RR
69	C2362-03-02	Cristal x L-235.4	Brasil	CA/RI
70	C2406-03	Eliza x N-140	Brasil	CA/RI
71	C2337-36-02	White Lady x N-140	Brasil	CA/RI
72	C2363-35-02	Eliza x L-235-4	Brasil	CA/RI
73	Cristina	Desconhecida	Brasil	C
74	Agata	BM 52,72 x Sirco	Holanda	C
75	Cupido	W72-22-496 x Estima	Holanda	C
76	Asterix	Cardinal x SVP Ve 709	Holanda	C
77	Cota	Loman x Loman	Brasil	C
78	Catucha	2CRI-1149-1-78 x C999-263-70	Brasil	C

...continuação tab.1

79	Macaca	Desconhecida	Brasil	C
80	Atlantic	B 5141.6 (Lenape) x Wauseon	USA	C
81	Baronesa	Loman x Loman	Brasil	C
82	Cristal	CRI-420-12-60 x C368-8-60	Brasil	C
83	Pukara	Cleopatra x Yagana	Chile	C
84	Yagana	Hydra x 904/61	Chile	C
85	Achirana	MPI 61.375/23 x B 25.65	Argentina	C
86	Atlantic	B 5141.6 (Lenape) x Wauseon	USA	C
87	C91.640	Desconhecida	Peru	CA
88	C90.170	Desconhecida	Peru	CA
89	WA.077/320	Desconhecida	Peru	CA
90	3CRI1316-8-82	Recent x 2CRI-1149-1-78	Brasil	CA
91	Asterix	Cardinal x SVP Ve 709	Holanda	C
92	Balmoral	Ulster Dale x OP 3211/6	Irlanda	C
93	C1226-35-80	Monte Bonito x AC-999-263-70	Brasil	CA
94	C1714-7-94	C1785-6-87 x Atlantic	Brasil	CA
95	C1740-11-95	C1226-35-80 x Atlantic	Brasil	CA
96	C1750-15-95	C14-85-16-87 x Atlantic	Brasil	CA
97	C1883-22-97	ND860-2 x XY-14	Brasil	CA
98	C1940-1-98	C1730-7-94 x 2CRI-1149-78	Brasil	CA
99	C2076-2-00	Santo Amor x C92.187	Brasil	CA
100	C2080-3-00	C91.640 x 88052	Brasil	CA
101	C2337-15-2	White Lady x N-140	Brasil	CA/RI
102	C2337-18-02	White Lady x N-140	Brasil	CA/RI
103	C2342-1-02	BP-1 x N-140	Brasil	CA/RI
104	C2346-08-02	N-263-32 x 2CRI-1149-1-80	Brasil	CA/RI
105	C2357-1-02	N-263-32 x Eliza	Brasil	CA/RI
106	C2360-07-02	C1750-15-95 x NYL-235-4	Brasil	CA/RI
107	C2360-14-02	C1750-15-95 x NYL-235-4	Brasil	CA/RI
108	C2360-16-02	C1750-15-95 x NYL-235-4	Brasil	CA/RI
109	C2363-06-02	C1750-15-95 x NYL-235-4	Brasil	CA/RI
110	C2364-05-02	C1226-35-80 x NYL-235-4	Brasil	CA/RI
111	C2365-05-02	C1485-16-87 x NYL-235-4	Brasil	CA/RI
112	C2397-03	NYL-235-4 x Ona	Brasil	CA/RI
113	C2398-03	NYL-235-4 x Baraka	Brasil	CA/RI
114	C2399-03	P161-3 x Mirka	Brasil	CA/RI
115	C2400-03	P161-3 x Yagana	Brasil	CA/RI
116	C2403-03	N-140 x 2CRI-1149-1-78	Brasil	CA/RI
117	C24-0603	Eliza x N-140	Brasil	CA/RI
118	Caesar	Monalisa x Ropta B 1178	Holanda	C
119	CL69/05	Desconhecida	França	CA
120	Desiree	Urgenta x Depesche	Holanda	C
121	Elvira	Clivia x 64301020	Alemanha	C

...continuação tab. 1

122	F23-23-06	Desconhecida	Brasil	CA
123	F88-01-05	Asterix x 2CRI-1149-1-78	Brasil	CA
124	Monte Bonito	Baronesa x Hydra	Brasil	C
125	MV329-14	Desconhecida	Brasil	CA
126	NYL235-4	Hudson x PI 310925	EUA	C
127	Panda	UP 0.35/17 x W 6858/8	Alemanha	C
128	PCDAG 03-11	Rioja x C-1740-11-95	Brasil	CA
129	Pérola	2CRI-1149-1-78 x Granola	Brasil	C
130	R91121-17	Desconhecida	Chile	CA
131	Todo Ano	Desconhecida	Brasil	*

*variedade local;

¹C: cultivar; CA: clone avançado; RVY: resistente ao vírus Y; BA: baixo teor de açúcares redutores; RR: resistente a requeima; RI: resistente a insetos.

As plantas foram cultivadas em casa de vegetação em sacos plásticos preenchidos com substrato comercial (Turfa Fértil[®]). O DNA foi extraído de folhas jovens coletadas individualmente de cada genótipo. A extração foi realizada de acordo com o protocolo de DArT[®] (DART, 2010). Os testes de qualidade do DNA foram feitos em gel de agarose 1%, e a concentração foi verificada em fluorômetro.

A caracterização molecular foi realizada com base em sete *loci* SSR: STG0010, STG0001, STI0001, STI0004, STM5121, STM1053 e STG0016 (GHISLAIN et al., 2009). As reações de PCR foram realizadas em um volume final de 20 µL, contendo 20 ng de DNA genômico, 0,5 µM de cada *primer*, 200 µM de dNTP e 1U de *Taq* em 10 mM de Tris-HCL pH 8,3, 1,5 mM de MgCl₂ e 50 mM de KCL. As reações foram realizadas em termociclador GeneAmp PCR System 9700 (AppliedBiosystems, Foster City, CA, USA) de acordo com o seguinte programa: 3 min a 94°C, 2 min a temperatura de anelamento (Ta) de cada *primer* e 1 min 30s a 72°C seguido de 29 ciclos de 1 min a 94°C, 2 min a Ta e 1 min 30s a 72°C com uma extensão final de 5 min a 72°C.

Os produtos da amplificação foram separados por eletroforese em gel de agarose ultra-pura 3,0% e visualizados no fotodocumentador. As imagens foram armazenadas em computador para avaliação dos padrões das bandas. O marcador de peso molecular de 1 Kb Plus (Invitrogen) foi utilizado como referência para estimar o tamanho dos fragmentos amplificados usando programa computacional Bio - 1D versão 12.14.

Em função da natureza auto-poliplóide da batata, os fragmentos gerados pela amplificação foram lidos como dados dominantes, presença (1) e ausência (0),

devido à incapacidade de detectar a dosagem alélica (MOISAN-THIERY et al., 2005).

Para cada alelo identificado foi calculada a sua frequência no germoplasma avaliado. O conteúdo de informação do polimorfismo (PIC) de cada *locus* SSR foi calculado por meio da equação: $PIC = 1 - \sum p_i^2$, onde p_i é a frequência ao quadrado do alelo i .

A partir da matriz original binária foi estimada a similaridade entre os indivíduos utilizando o coeficiente de Jaccard através da fórmula: $S_{ij} = a/(a+b+c)$, onde " S_{ij} " é a similaridade entre os pares de genótipos i e j , " a " é o número de fragmentos em comum entre i e j , " b " é o número de fragmentos presentes em i e ausentes em j e " c " o número de fragmentos presentes em j e ausentes em i . Com base na matriz de similaridade, duas abordagens foram adotadas para acessar a formação de sub-grupos no germoplasma avaliado. A primeira abordagem foi baseada na análise de agrupamento pelo método hierárquico em que foi construído um dendrograma pelo método UPGMA (*unweighted pair-group method using arithmetic averages*) (DIAS, 1998). Para verificar o ajuste entre a matriz de similaridade e o dendrograma foi estimado o coeficiente de correlação cofenética (r) (SOKAL; ROHLF, 1962). A segunda abordagem adotada para identificar a formação de sub-grupos foi a análise fatorial de coordenadas principais. Estas análises foram realizadas com o auxílio do programa NTSYSpc versão 2.01 (ROHLF, 2001).

Para acessar a estrutura genética do germoplasma avaliado foi também realizada a análise molecular da variância (AMOVA) com o auxílio do programa GENES (versão 2007.0.0.). Pela AMOVA, com base na matriz de distância Euclidiana entre os pares de genótipos, é estimada a proporção da variação total encontrada entre e dentro dos grupos (EXCOFFIER et al., 1992). Dois modelos de estrutura genética foram testados neste trabalho. Primeiro, foi analisado se o germoplasma desenvolvido por programas de melhoramento genético no Brasil é distinto daquele proveniente de outros países (Alemanha, Itália, Irlanda, Holanda, Argentina, Chile, Peru, Canadá, Estados Unidos e Índia). No segundo modelo foi analisado se o germoplasma oriundo de países da América do Sul é distinto daquele proveniente de países de outros continentes. Para testar a significância dos resultados da AMOVA, foi utilizado o método não paramétrico de permutações, sendo adotadas 1000 permutações ao acaso.

1.3 Resultados e Discussão

Na análise dos 131 genótipos de batata com sete *loci* SSR foram identificados no total 28 alelos. Em média, o número de alelos por *locus* foi de quatro, variando de três a seis. O *locus* STG0016 apresentou a maior diversidade alélica, com seis alelos, seguido por STM5121, STM1053 e STI004, com quatro e STG0010, STG001 e STI001 com três. As frequências alélicas variaram de 0,06 a 0,90, com média de 0,39. Dos 28 alelos, três ocorreram em frequências abaixo de 0,10, vinte ficaram entre 0,10 e 0,60 e cinco apresentaram frequências superiores a 0,60. O conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) variou de zero para os *loci* STI0001 e STM5121 a 0,64 para o *locus* STM1053 com média geral de 0,21 (tab.2).

Tabela 2 - Conteúdo de informação do polimorfismo (PIC) de sete *loci* SSR com base na caracterização de 131 genótipos de batata e o respectivo número de alelos identificados por *locus*, tamanho dos alelos identificados e amplitude das frequências alélicas. Pelotas, 2012.

<i>Locus</i>	PIC	Número de alelos	Tamanho dos alelos (pb)	Frequências alélicas	Localização no cromossomo
STG0010	0,31	4	181, 185, 190, 201	0,16 - 0,63	III
STG0001	0,13	3	160, 176, 200	0,21 - 0,77	XI
STI0001	0,00	4	213, 241, 259, 278	0,26 - 0,81	IV
STI0004	0,10	4	95, 101, 106, 131	0,19 - 0,74	VI
STM5121	0,00	3	339, 357, 379	0,29 - 0,90	XII
STM1053	0,64	4	178, 198, 202, 215	0,06 - 0,40	III
STG0016	0,34	6	127,151,163,171,181,194	0,09 - 0,56	I

O número de alelos observados no presente estudo foi inferior aos encontrados por Rosa et al. (2010), que ao avaliarem 14 cultivares de batata com 24 *loci* SSR detectaram 127 diferentes alelos, e por Barandalla et al. (2006) onde, na caracterização de 41 genótipos de batata, incluindo *Solanum tuberosum* ssp. *andigena*, *Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum* e *Solanum chaucha*, com 19 *loci* SSR, observaram um total de 67 alelos. D'hoop et al. (2010), ao avaliar a estrutura genética do germoplasma de batata de várias empresas de melhoramento da Holanda, caracterizaram 430 genótipos com 53 *loci* SSR e identificaram um total 653 alelos distintos. É importante salientar que em todos esses estudos, além do número

de *loci* analisados terem sido superiores ao utilizado no presente trabalho, a separação dos produtos amplificados foi realizada em gel de acrilamida, ou em sequenciador, o que favorece a uma maior separação dos fragmentos.

Da mesma forma, a amplitude de alelos encontrados no presente estudo foi inferior ao encontrado no trabalho realizado por Feingold et al. (2005), que obtiveram uma amplitude de 1 a 16 alelos por *locus* analisando 30 genótipos de batata incluindo, *Solanum tuberosum* ssp. *andigena*, *S. tuberosum* ssp. *tuberosum* e *S. phureja* com 61 *loci* SSR, bem como por Rosa et al. (2010), que encontraram uma amplitude de 1 a 12 alelos por *locus*, assim como por D'hoop et al. (2010), com dois a 26 alelos por *locus*. Nesses três trabalhos, foi evidenciada uma base genética mais ampla do que a do presente estudo.

Nenhum alelo raro foi identificado no presente trabalho. São considerados alelos raros aqueles que ocorrem em frequência abaixo de 0,05 na população (REIS et al., 2011). A própria natureza do germoplasma avaliado no presente estudo, uma coleção de trabalho de melhoramento, favorece, por meio dos cruzamentos dirigidos, seguidos de seleção, a perda de alelos raros ao longo do processo de melhoramento.

O conteúdo de informação do polimorfismo (PIC) fornece uma estimativa do poder discriminatório de um *locus* (WEIR, 1996). Pode-se inferir que dos sete *loci* analisados neste estudo, dois apresentaram valores nulos de PIC, quatro apresentaram baixo poder discriminatório, valores entre 0,10 e 0,34, e apenas um *locus*, STM 1053, apresentou um médio a alto poder discriminatório (tab. 2). Em um estudo realizado por Ghislain et al. (2009), onde foi identificado um conjunto de 24 *loci* SSR altamente informativos para a caracterização de germoplasma de batata, nos quais os sete *loci* analisados nesse estudo fazem parte deste grupo, foram observados valores de PIC entre 0,25 a 0,89. Embora no presente trabalho tenham sido encontrados valores nulos de PIC, resultados semelhantes também foram encontrados por Galarreta et al. (2007) avaliando 19 variedades crioulas de batata com 19 *loci* SSR obtiveram valores de PIC entre zero e 0,78, assim como D'hoop et al. (2010) que, dos 53 *loci* SSR analisados, um apresentou PIC com valor nulo.

A similaridade entre os genótipos, estimada pelo coeficiente de Jaccard variou de 0,05 a 0,92, com similaridade média geral de 0,36, mostrando uma significativa variabilidade no germoplasma (dados não apresentados). Favoretto et al. (2011), ao caracterizar 38 acessos de batata amostrados de coleções de trabalho de duas

empresas brasileiras, a companhia Pirassu, no Estado de São Paulo, e a EPAMIG, encontraram valores entre 0,41 e 0,93 de similaridade, ou seja, os genótipos mais divergentes apresentaram 41 % de similaridade. Extremos de divergência menores também foram observados por Rocha (2008), quando avaliou 16 genótipos de batata, encontrou uma amplitude de similaridade entre 0,57 a 0,73, assim como Braun e Wenzel (2004), que avaliaram 69 genótipos, envolvendo cultivares e clones avançados de melhoramento da Alemanha com 26 *loci* SSR, observaram valores entre 0,39 e 0,79, com média de 0,60 de similaridade.

Os genótipos que mais se diferenciaram foram C1740-11-95 e C2399-03, com 95% de dissimilaridade. Embora ambos sejam clones avançados do programa de melhoramento da Embrapa, este último é derivado de uma população com tolerância a insetos cuja fonte de resistência é derivada da espécie silvestre *Solanum berthaultii*. Por outro lado os genótipos mais similares, com 93% de similaridade, foram duas amostras identificadas como cultivar Atlantic, porém oriundas de diferentes procedências.

O valor de similaridade média geral, 0,36, foi usado como ponto de corte para a identificação dos grupos no dendrograma, sendo identificados oito grupos (Fig.1). O coeficiente de correlação cofenética entre a matriz de similaridade e o dendrograma foi de 0,57.

Os grupos I, II, e V foram formados por apenas um genótipo, os demais grupos apresentaram similaridade média intra-grupo de 42 a 50% (tab.4). O primeiro grupo foi formado pelo clone avançado F74-26-06, que foi originado do cruzamento entre White Lady e 2CRI-1149-1-78 e o segundo grupo pelo clone 2AC-999-263-70, que apresenta em sua genealogia uma mistura de seis cultivares. O terceiro grupo foi formado por três clones avançados, sendo dois do Brasil (F27-03-06 e F79-01-06) e um da França (CL69/05).

O quarto e grande grupo, composto por 57 genótipos, apresenta similaridade média intra-grupo de 44%. Este grupo é formado por 37 clones avançados dos quais um é oriundo do Chile, quatro do Peru, e 32 do Brasil, sendo que destes, 18 possuem fonte de resistência a insetos oriunda da cultivar NYL 235-4, que também está alocado neste grupo. O grupo quatro também é composto por 18 cultivares, destas, sete são da América do Sul, sendo quatro do Brasil (Cristina, Cristal, Monte Bonito e Pérola), duas do Chile (Pukara e Yagana), uma da Argentina (Achirana) e

sete da Europa, sendo duas da Alemanha (Elvira e Panda), quatro da Holanda (Agata, Cupido, Asterix, Caesar e Desiree) e uma da Irlanda (Balmoral).

O quinto grupo foi formado exclusivamente pelo clone do programa da Embrapa, 2CRI-1149-1-78, que apresenta em sua genealogia, na terceira geração, um clone silvestre coletado em Ponta Grossa, no Paraná.

O sexto grupo, formado por 17 genótipos, com uma similaridade média intra-grupo de 48%, é composto quase que exclusivamente por genótipos da América do Sul, sendo dez clones avançados nacionais, dois do Chile (R82263-3 e R8904350), e pelas cultivares nacionais, Ana, Clara e Eliza, liberadas pelo programa de melhoramento da Embrapa a partir de 2002. O mesmo grupo também foi formado por um clone avançado da França (58.97-1) e uma cultivar da Índia (Chipsona).

O sétimo grupo, formado por 15 genótipos, apresenta similaridade média de 44%, é composto por clones avançados nacionais, destes, encontram-se alguns clones com fonte de resistência a requeima, assim como clones com baixos teores de açúcares redutores. Nesse grupo também encontra-se a cultivar européia Voyager.

O oitavo grupo, com similaridade média de 42%, foi formado por 36 genótipos, dos quais, 19 são clones avançados de programas da América do Sul, destes, 18 são brasileiros, um do Chile e um do Peru. Também encontram-se neste grupo três clones avançados oriundos da França. O mesmo grupo também foi formado por quatro cultivares da América do Sul (Cota, Catucha, Macaca e Baronesa), todas nacionais, duas da América do Norte, sendo uma do Canadá (Shepody) e uma dos Estados Unidos (Atlantic), e por cinco cultivares européias, destas, três são da Holanda (Amorosa, Monalisa e Markies), duas da Hungria (White Lady e Rioja) e uma da Itália (Imola).

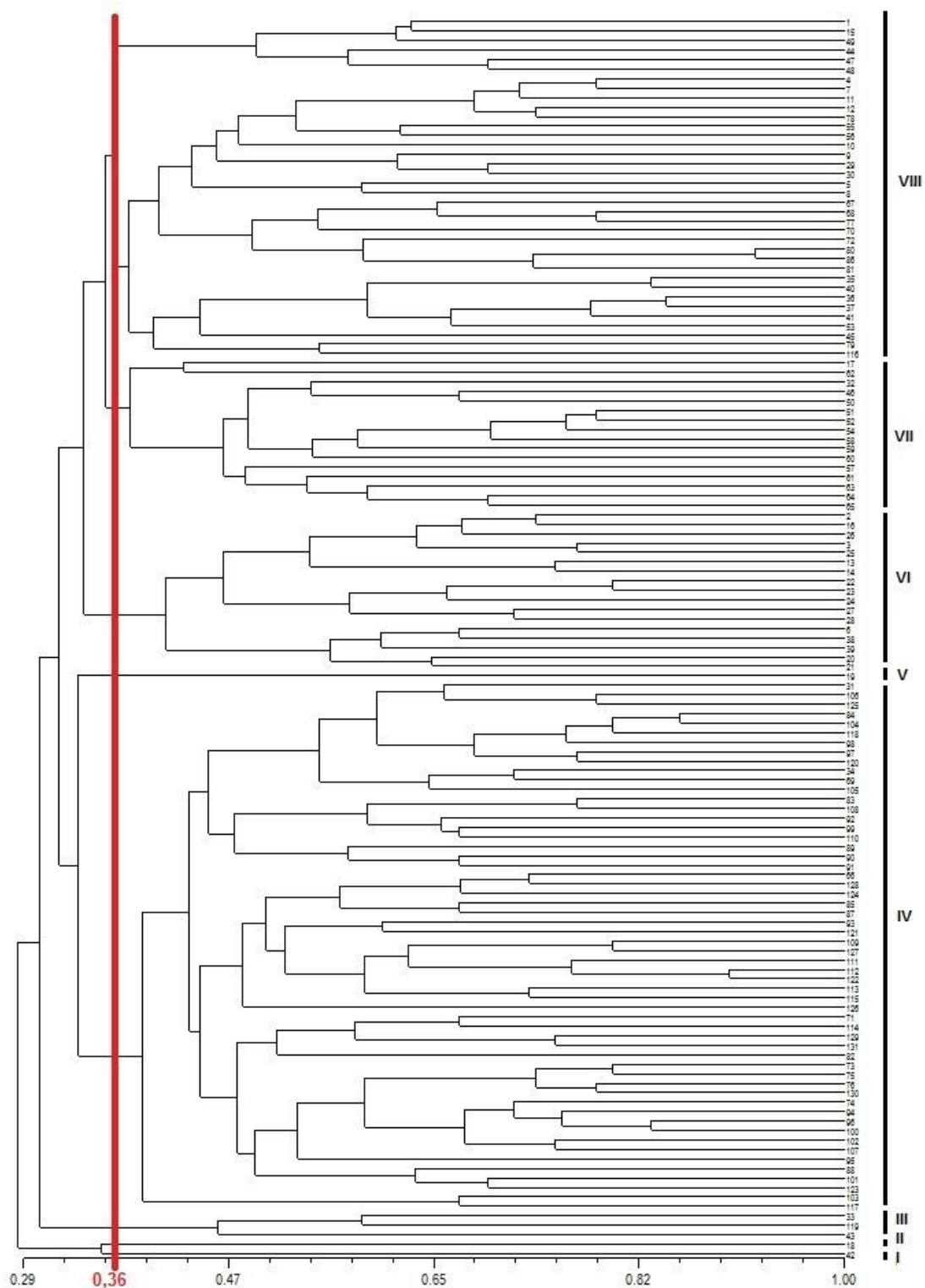


Figura 1 - Dendrograma obtido a partir do coeficiente de similaridade de Jaccard, pelo método aglomerativo UPGMA, para 131 genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.). A linha em vermelho indica o ponto de corte, baseado na similaridade média geral, 0,36, identificando oito grupos. Pelotas, 2012.

Tabela 3 - Identificação dos genótipos que constituíram cada um dos grupos formados pelo dendrograma usando como ponto de corte a similaridade média geral entre os 131 genótipos de batata analisados com sete *loci* SSR. Pelotas, 2012.

Grupo	Genótipos	Similaridade média intra-grupo
I	F74-26-06	-
II	2AC-999-263-70	-
III	F27-03-06, F79-01-06, CL69/05	50%
IV	C1740-11-95, F48-07-06, C2572-3-05, C2362-03-02, C2337-36-02, 3CRI1318-8-88, C1226-35-80, C1714-7-94, C1740-11-95, C1750-15-95, C1883-22-97, C1940-1-98, C2076-2-00, C2080-3-00, C2337-15-2, C2337-18-02, C2342-1-02, C2346-08-02, C2357-1-02, C2360-07-02, C2360-14-02, C2360-16-02, C2363-06-02, C2364-05-02, C2365-05-02, C2397-03, C2398-03, C2399-03, C2400-03, C24-0603, F23-23-06, F88-01-05, MV329-14, R91121-17, C-2076-02-00, C91.640, C90.170, WA.077/320, Todo Ano, Elvira, Panda, Cristina, Cristal, Monte Bonito, PCDAG-03-11, Pérola, Pukara, Yagana, NYL235-4, Agata, Cupido, Asterix, Caesar, Desiree, Balmoral e Achirana	44%
V	2CRI-1149-1-78	-
VI	C1730-7-94, 118..1, C2236-15-02, C2275-14-02, C2278-05-02, C2297-01-02, C2307-01-02, F63-01-06, F68-04-06, R82263-3, R89043-50, 58.97-1, Ana, Eliza, Clara, PCD-03-11, Chipsona	48%
VII	F88-01-05, F81-01-06, C2504-8-05, C2513-7-05, C2524-3-05, C2530-1905, C-2538-1-05, C2540-2-05, C2545-2-05, C2550-4-05, C2551-1-05, C2553-1-05, C2555-1-05, C2557-2-05, Voyager	44%
VIII	2197-15, C2309-01-02, F52-03-06, F53-01-06, F53-02-06, F74-23-06, F98-03-05, F85-01-06, F119-01-06, MB984601, C2519-12-05, C2524-19-05, C2530-17-05, C2573-4-05, C2576-1-05, C2406-03, C2363-35-02, C2403-03, R91121-17, 97F1620, 97F8532, F80-03-06, C2392-03-02, Cota, Catucha, Macaca, Baronesa, Shepody, Amorosa, Monalisa, Markies, Rioja, White Lady, Imola, Atlantic	42%

Pela análise de coordenadas principais, os dois componentes explicaram 17,03% da variação total. O primeiro dos componentes explicou 10,54% da variação e o segundo 6,49%. A dispersão dos 131 genótipos avaliados não revelou a formação clara de grupos distintos, embora as cultivares nacionais, Ana, Eliza, Clara e Cristal, que foram lançadas nos últimos 15 anos pelo programa de melhoramento genético de batata da Embrapa, ficaram agrupadas no quadrante inferior direito do gráfico, mostrando uma tendência de isolamento dos demais genótipos. Por outro lado, as cultivares mais antigas, Macaca e Baronesa, ficaram no centro do gráfico (Fig. 2).

Resultados semelhantes foram encontrados por Lung'aho et al. (2011), que avaliando o germoplasma do Quênia, no total de 48 genótipos, envolvendo cultivares locais de agricultores, cultivares antigas e cultivares modernas, observaram que as cultivares modernas foram as mais divergentes.

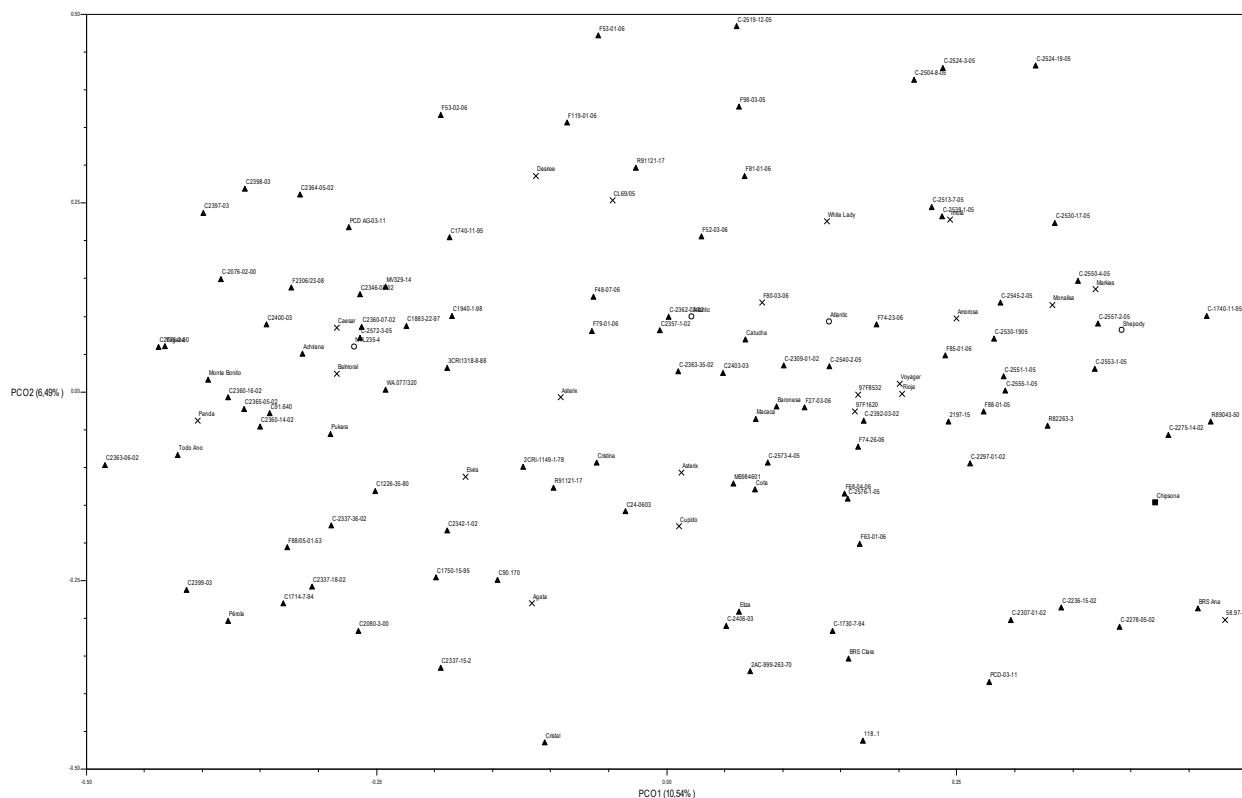


Figura 2 – Dispersão gráfica de 131 genótipos de batata pela análise de coordenadas principais com base na caracterização de sete *loci* SSR. A primeira coordenada explica 10,54% e a segunda, 6,49%. Símbolos: genótipos provenientes da América do Sul (▲), da América do Norte (○), da Europa (x) e da Ásia (■). Pelotas, 2012.

O resultado da análise molecular da variância, tanto para o modelo que avaliou se o germoplasma desenvolvido por programas de melhoramento genético no Brasil é distinto daquele proveniente de outros países, como para o modelo que avaliou se o germoplasma oriundo de países da América do Sul é distinto daquele proveniente de países de outros continentes, não foi estatisticamente significativo (tab. 4). Esses resultados mostram que não há subdivisão do germoplasma de batata utilizado pelo programa de melhoramento da Embrapa com base na origem. Resultados semelhantes foram encontrados por Lung'aho et al. (2011), que constataram que o germoplasma proveniente do Quênia, da Europa, do Peru e também o de origem desconhecida, não formam sub-grupos, não havendo estruturação no germoplasma.

Os resultados do presente estudo corroboram também com o trabalho desenvolvido por Gebhardt et al. (2004) que, ao avaliarem um conjunto de 600 cultivares e clones avançados de batata não encontraram evidências de estrutura genética na população avaliada e sugerem que no melhoramento de batata, o

número de gerações meióticas é insuficiente para permitir uma sub-divisão no germoplasma. Da mesma forma, D'hoop et al. (2010) não encontraram uma significativa estrutura genética ao analisarem uma coleção de germoplasma representativa da variabilidade genética de batata utilizada pelos programas de melhoramento da Holanda. Os autores observaram apenas fragmentos individuais, formando subgrupos, em proximidade a algum *locus* de introgressão para alguma fonte de resistência.

Tabela 4 - Resultado da análise molecular da variância (AMOVA) para os 131 genótipos avaliados com dois modelos de estrutura genética. Pelotas, 2012.

Causa da variação	GL	SQ	QM	Porcentagem de variação	P-value
Modelo 1*					
Entre populações	1	7,4656	7,4656	0,7782	n/s
Dentro população	da 129	676,7023	5,2458	99,2218	n/s
Modelo 2**					
Entre populações	1	7,6405	7,6405	1,0843	n/s
Dentro população	da 129	676,5275	5,2444	98,9157	n/s

*Modelo 1: Comparação entre o germoplasma brasileiro com o de outros países;

**Modelo 2: Comparação entre o germoplasma da América do Sul com o dos demais continentes.

Conclusões

- O germoplasma avaliado apresenta uma ampla variabilidade genética;
- Há uma tendência de estreitamento da base genética que vem sendo efetivamente utilizada pelo programa de melhoramento genético da Embrapa;
- Novas hibridações devem ser priorizadas entre genótipos de grupos contrastantes a fim de explorar de forma eficiente a variabilidade no germoplasma disponível;
- A identificação dos grupos auxilia em uma gestão mais eficiente dos recursos genéticos para compreender a necessidade, ou não, de introdução de outras constituições genéticas.

Referências

- AGRIANUAL 2011: **Anuário da agricultura brasileira**. São Paulo: FNP Consultoria e Comércio, 2011. 482 p.
- BARANDALLA, L.; GALARRETA, J. I. R.; RIOS, D.; RITTER, E. Molecular analysis of local potato cultivars from Tenerife Island using microsatellite markers. **Euphytica**, v.152, p. 283-291, 2006.
- BERED, F.; TERRA, T. F.; SPELLMEIER, M.; NETO, J. F. B. Genetic variation among and within sweet corn populations detected by RAPD and SSR markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 418-425, 2005.
- BRADSHAW, J. E. Potato-Breeding Strategy In: VREUGDENHIL, D. **Potato Biology and Biotechnology. Advances and Perspectives**. Amsterdã: Elsevier, 2007, p. 157-177.
- BRAUN A; WENZEL G. Molecular analysis of genetic variation in potato (*Solanum tuberosum* L.). I. German cultivars and advanced clones. **Potato Research**, v.47, p. 81-92, 2004.
- CASTRO, F. O.; QUINTERO, V.P.; PEÑA, M. A. R.; HINOJOSA, M. A. C.; VEGA, O. M. de la.; LEÓN, I. H. A. Molecular characterization of comercial and elite genotypes of potato (*Solanum tuberosum* L.) in Mexico. **Agricultura Técnica en México**, v. 32, p. 171-180, 2006.
- COLLARES, E. S.; CHOER, E. PEREIRA, A. D. S. Characterization of potato genotypes using molecular markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, p.871-878, 2004.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Divergência genética. In: CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997. p. 287-324.
- D'HOOP, B. B.; JOÃO PAULO, M.; KOWITWANICH, K.; SENGERS, M.; VISSER R. G. F.; VAN ECK, H. J.; VAN EEUWIJK, F. A. Population structure and linkage disequilibrium unraveled in tetraploid potato. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 121, p.1151–1170, 2010.
- DART. *Diversity Arrays Technology Pty. Ltd.*. Disponível em: <<http://www.diversityarrays.com/samplesub.html>>. Acesso em: 19 ago. 2010.
- DIAS, L. A. S. Análises multidimensionais. In: ALFENAS, A.C. **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins**: fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos. Viçosa: UFV, 1998. p.405-473.
- EXCOFFIER, L.; SMOUSE, P. E.; QUATTRO, J. M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. **Genetics**, v.131, p.479-491, 1992.

FAOSTAT. **The agricultural production domain covers.** Disponível em: <<http://www.fao.org/crop/statistics.html>>. Acesso em: 17 jul. 2012.

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

FEINGOLD, S.; LLOYD, J.; NORERO, N.; BONIERBALE, M.; LORENZEN, J. Mapping and characterization of new EST-derived microsatellite for potato (*Solanum tuberosum* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.111, p.456-466, 2005.

FU, Y-BI.; PETERSON, G. W.; RICHARDS, K. W.; TARN, T. R.; PERCY, J. E. Genetic Diversity of Canadian and Exotic Potato Germplasm Revealed by Simple Sequence Repeat Markers. **American Journal Potato Research**, v.86, p. 38–48, 2009.

GALARRETA, J. I. R. D.; BARANDALLA, L.; LORENZO, R.; GONZALEZ, J.; RIOS, D. J.; RITTER, E. Microsatellite variation in potato landraces from the island of La Palma. **Spanish Journal of Agricultural Research**, v.5, p.186-192, 2007.

GEBHARDT, C. Molecular markers, maps and population genetics. In.: VREUGDENHIL, D. **Potato biology and biotechnology advances and perspectives**. Amsterdam: Elsevier, 2007. p.77-89.

GEBHARDT, C.; BALLVORA, A.; WALKEMEIER, B.; OBERHAGEMANN, P.; SCHULER, K. Assessing genetic potential in germplasm collections of crop plants by marker-trait association: a case study for potatoes with quantitative variation of resistance to late blight and maturity type. **Molecular Breeding**, v.13, p.93–102, 2004.

GHISLAIN, M.; NÚÑEZ, J.; HERRERA, M. D. R.; PIGNATARO, J.; GUZMAN, F.; BONIERBALE, M.; SPOONE, D. M. Robust and highly informative microsatellite-based genetic identity kit for potato. **Molecular Breeding**, v. 23, p.377-388, 2009.

HAWKES, J.G. Origins of cultivated potatoes and species relationships. In: BRADSHAW, J.E.; MACKAY, G.R. **Potato genetics**. Cambridge: CAB International, 1994. p.3- 42.

LUNG'AHU, C.; CHEMINING'WA, G. N.; FU, Y-BI.; SHIBAIRO, S. I.; HUTCHINSON, M. J.; PANIAGUA, H. G. Genetic Diversity of Kenyan Potato Germplasm Revealed by Simple Sequence Repeat Markers. **American Journal Potato Research**, v.88, p.424–434, 2011.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analyses of genetic diversity in crop plants – Salient statistics tools and considerations. **Crop Science**, v.43 p.1235-1248, 2003.

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

NOVÁKOVÁ, A.; ŠIMÁČKOVÁ, K.; BÁRTA, J.; ČURN, V. Utilization of DNA markers based on microsatellite polymorphism for identification of potato varieties cultivated in the Czech Republic. **Journal Central European Agriculture**. v.11, p. 415-422, 2010.

ORTMAN, E. E.; PETERS, D. C. Introduction to breeding plants resistant to insects. In.: MAXWELL, F. G.; JENNINGS, P. R. **Breeding plants resistant to insects**. New York: John Wiley, 1980, p. 3-14.

REIS, R. V. D.; OLIVEIRA, E. J. D.; VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SILVA, M. G. D. M. Diversidade genética em seleção recorrente de maracujazeiro-amarelo detectada por marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, p.51-57, 2011.

ROCHA, E. A. **Caracterização molecular de cultivares de batata (*Solanum tuberosum* L.) utilizando marcadores RAPD e SSR**. Lavras: UFLA, 2008, 113p.

ROSA, P. M.; CAMPOS, T. D.; SOUZA, A. C. B. D.; SFORÇA, D. A.; TORRES, G. A. M.; SOUZA, A. P. D. Potato cultivar identification using molecular markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, p. 110-113, 2010.

ROHLF, J. **NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 2.1**. New York: Exeter, 2001. Software.

SILVA, G. O.; PEREIRA, A. S.; SOUZA, V. Q. D.; CASTRO, C. M.; CARVALHO, F. I. F. D.; VIERA, E. A. Distâncias genéticas entre genótipos de batata a partir de dados morfológicos, moleculares e genealógicos. **Semina**, v.30, p. 983-992, 2009.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v.11, p.33-40, 1962.

THE POTATO GENOME SEQUENCING CONSORTIUM. Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. **Nature**, v.000, p. 1-9, 2011.

WEIR, B.S. **Genetic data analysis II - Methods for Discrete Population Genetic Data**. Sunderland: Sinauer Associates, 1996. 377p.

ZHUK, A.; VEINBERGA, I.; SKRABULE, I.; RUGIS, D. characterization of latvian potato genetic resources by dna fingerprinting with SSR markers. **Agonomijas Vēstis - Latvian Journal of Agronomy**, v.11, p.171-178, 2008

Capítulo 2

Resposta de genótipos de batata ao estresse hídrico em duas épocas de cultivo

Resumo

A batata é o terceiro principal alimento no mundo e, com relação à área cultivada, ocupa a oitava posição. Com os prognósticos de mudanças climáticas, o cultivo de batata deverá sofrer rearranjos nas regiões produtoras, bem como ajustes nas épocas de plantio. A cultura é considerada exigente em água, sofrendo grandes reduções quando expostas ao déficit hídrico. Frente a isso, estratégias devem ser adotadas que possibilitem melhorar a eficiência no processo de seleção de genótipos com maior tolerância ao déficit hídrico. O objetivo deste trabalho foi avaliar a resposta de genótipos de batata cultivados em duas épocas de cultivo, primavera e outono, submetidos a duas condições hídricas, sem déficit e com estresse hídrico. Foram avaliados 12 genótipos de batata, entre cultivares e clones avançados. O experimento foi realizado em sistema hidropônico com o uso de polietilenoglicol simulando um déficit hídrico de -0,129 Megapascal (MPa). Durante o experimento foram avaliadas as seguintes variáveis: número de dias para início da tuberização, massa seca de raiz e de parte aérea, o número total e massa seca de tubérculos produzidos por planta, o número e a massa seca de tubérculos grandes e pequenos produzidos por planta e a porcentagem de tubérculos com defeitos. Com base nos resultados obtidos foi constatado que os genótipos de batata respondem diferencialmente ao estresse hídrico dependendo da época de cultivo e que o efeito negativo do estresse hídrico no desenvolvimento e produção de tubérculos é mais pronunciado no cultivo de primavera do que no de outono. Alguns genótipos apresentaram bons resultados na condição de déficit hídrico.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum*. Estresse abiótico. Variabilidade genética. Caracterização. Germoplasma.

2.1 Introdução

A batata é o terceiro principal alimento no mundo e, com relação à área cultivada, ocupa a oitava posição (FAOSTAT, 2012). No Brasil, a produção anual de batata é superior a três milhões de toneladas e são cultivados aproximadamente 100 mil hectares (AGRIANUAL, 2011). Os principais Estados brasileiros produtores são Minas Gerais, São Paulo, Paraná e Rio Grande do Sul (PEREIRA et al., 2011). Nessas regiões é possível fazer até duas safras, em períodos livres da ocorrência de geadas e de temperaturas elevadas, principalmente à noite (WREGE et al., 2004). No Rio Grande do Sul o cultivo é realizado em duas épocas, na primavera e no outono (BISOGNIN, 1996).

Mundialmente, os estresses abióticos são os principais responsáveis por perdas na produção de alimentos causando, em média, reduções acima de 50% na produtividade dos principais cultivos agrícolas (BOYER, 1982). Entre os estresses abióticos, o de seca, em uma escala global, é considerado o mais devastador e complexo (PENNISI, 2008).

Quando comparado a outros cultivos, o de batata é um dos mais sensíveis ao déficit hídrico (LAHLOU et al., 2003). Durante a fase inicial de crescimento e de formação dos tubérculos a planta demanda por grandes quantidades de água (HARRIS, 1978; DEBLONDE; LEDENT 2001). Curtos períodos de déficit hídrico podem reduzir consideravelmente a produção de tubérculos (MACKERRON; JEFFERIES, 1986; MILLER; MARTIN, 1987; HAVERKORT et al., 1991; DALLA COSTA et al., 1997).

Frente aos prognósticos das mudanças climáticas, o cultivo de batata está fortemente ameaçado (HIJMANS, 2003). Há estudos prevendo, em função do aquecimento global, um incremento em 20% na escassez de água no mundo (IPCC, 2007). O desenvolvimento de cultivares adaptadas à condição de déficit hídrico é uma das estratégias mais importantes para assegurar a sustentabilidade da produção de alimentos frente ao novo cenário climático (GIPB, 2012).

A resposta das plantas à seca é uma característica quantitativa com controle fenotípico e genético complexo (McWILLIAM, 1989). Em batata, estudos têm mostrado a resposta do efeito da seca sobre caracteres fisiológicos (VAN LOON,

1981; LEVY et al., 1989; TOURNEUX et al., 2003a) e morfo-agronômicos (DEBLONDE; LEDENT, 2001; LAHLOU et al., 2003; TOURNEUX et al., 2003b).

A resposta diferencial de cultivares de batata ao déficit hídrico indica que há variabilidade genética para tolerância à seca no germoplasma cultivado de batata (HARRIS, 1978; LEVY, 1983). Entretanto, inúmeros atributos estão relacionados com os mecanismos de tolerância à seca, fazendo com que o melhoramento genético para esta característica seja extremamente complexo (McWILLIAM, 1989).

O desenvolvimento de estudos que venham a agregar informações sobre o comportamento de genótipos de batata submetidos à condição de déficit hídrico, assim como o efeito do estresse de seca sobre os caracteres morfo-agronômicos da planta contribui, através da geração de informações básicas, para o desenvolvimento de cultivares adaptadas ao novo cenário de mudanças climáticas.

Nesse sentido, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a resposta de doze genótipos de batata cultivados em duas épocas, primavera e outono, submetidos a duas condições hídricas, sem déficit e com estresse hídrico.

2.2 Material e Métodos

O experimento foi conduzido na Embrapa Clima Temperado, em Pelotas, Rio Grande do Sul (32°45'S e 52°30'W), altitude de 60m, na primavera de 2010 e no outono de 2011. As temperaturas médias, as máximas e as mínimas registradas nos meses em que foi realizado o experimento encontram-se na tab. 1.

Tabela 1 - Dados de temperaturas médias mensais registradas durante o período do experimento. Pelotas, 2012

T (°C)	Primavera (2010)				Outono (2011)			
	set.	out.	nov.	dez.	abr.	maio	jun.	jul.
Média	15,8	16,8	18,9	22,9	19,5	16,0	13,4	12,2
Máxima	20,4	22,8	25,4	29,4	25,4	21,4	18,1	16,8
Mínima	12,4	11,9	13,8	17,4	15,1	12,1	9,6	8,4

Fonte: EMBRAPA, 2012

O experimento foi realizado em sistema hidropônico de calhas de PVC articuladas (MEDEIROS et al., 2002). Plantas sadias provenientes da cultura de tecidos foram transplantadas para o sistema hidropônico em orifícios de 25mm de diâmetro, espaçados 50cm. O delineamento adotado foi de blocos completos casualizados com três fatores: genótipo, com 12 níveis (tab.2), época de cultivo, com dois níveis (primavera e outono) e estresse hídrico, com dois níveis (sem déficit e com estresse hídrico).

Tabela 2 - Genótipos de batata avaliados no experimento. Pelotas, 2012.

Genótipo	Genealogia	Ciclo ¹	Obs.
Agata	BM 5272 x Sirco	Precoce	Cultivar
Ana	C-1750-15-95 x Asterix	Tardio	Cultivar
Atlantic	Lenape x Wauseon	Precoce	Cultivar
Baronesa	Loman x Loman	Médio	Cultivar
C2337-06-02	White Lady x N140	*	Clone avançado
C2360-07-02	C-1750-15-95 x NYL 235-4	*	Clone avançado
CIP388615	B-71-240.2 x 386614.16	*	Clone avançado
Caesar	Monalisa x Ropta B 1178	Médio	Cultivar
Clara	White Lady x Catucha	Médio	Cultivar
Desiree	Urgenta x Depesche	*	Cultivar
Macaca	*	Precoce	Cultivar
PCDAG 03-11	Rioja x C-1740-11-95	Médio	Clone avançado

Ciclo¹: Precoce, menos de 90 dias; Médio, de 90 a 110 dias; Tardio, acima de 110 dias.

* informação não disponível.

No cultivo de primavera, de 15/09/2010 a 07/12/2010, o experimento foi conduzido com quatro repetições, enquanto que no outono, de 11/04/2011 a 28/07/2011, foram realizadas oito repetições. Independente da época de cultivo, cada bloco foi formado por duas bancadas, uma sem déficit, e a outra com estresse hídrico. Em cada bancada, composta por 12 orifícios, foram aleatorizados os genótipos. Cada planta individual constituiu a unidade de observação.

Para submeter os genótipos ao estresse hídrico foi adicionado polietilenoglicol 6000 à solução nutritiva simulando um déficit hídrico de -0,129 megapascal (MPa), seguindo metodologia descrita por Reisser et al. (2011). O estresse hídrico foi constante dos 20 dias após o transplante das plantas para o sistema hidropônico até a colheita.

Durante o experimento foram avaliadas as seguintes variáveis:

- *Dias para iniciar a tuberização (DIT)*: Foram contados o número de dias necessários para o início da tuberização, sendo considerado como o início da tuberização quando, no ápice do estolão, fosse identificado um tubérculo com aproximadamente 2,0mm de diâmetro.

- *Massa seca da parte aérea (MSPA) e massa seca de raiz (MSR)*: Na colheita foram separados os tubérculos, as raízes e a parte aérea de cada planta. A parte aérea e as raízes foram secas em estufa com ar forçado à 65°C até atingirem massa constante.

- *Número total de tubérculos produzidos (NTT), número de tubérculos grandes (NTG) e número de tubérculos pequenos (NTP)*: Na colheita foi contado o número total de tubérculos produzidos por cada planta. Logo após, os tubérculos foram separados em uma peneira com malha de 2,0 cm², sendo contado o número de tubérculos acima da peneira, denominado de número de tubérculos grandes, e o número de tubérculos abaixo da peneira, denominado de número de tubérculos pequenos.

- *Massa seca de tubérculos grandes (MSTG), massa seca de tubérculos pequenos (MSTP), massa seca total de tubérculos (MSTT) e peso médio de tubérculos (PMT)*: Os tubérculos classificados como grandes (acima de peneira com malha de 2,0 cm²), assim como os pequenos (abaixo da peneira de 2,0 cm²), foram secos em estufa com ar forçado a 65°C até atingirem peso constante, dando origem respectivamente a massa seca de tubérculos grandes e a massa seca de tubérculos pequenos. A massa seca total de tubérculos foi obtida através da soma da massa

seca de tubérculos pequenos com a massa seca de tubérculos grandes. O peso médio de tubérculos foi obtido pela divisão da massa seca total de tubérculos pelo número total de tubérculos produzidos.

Análises estatísticas

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o procedimento GLM, do pacote estatístico SAS versão 9.2 (SAS INSTITUTE INC., 2002). Mediante o experimento fatorial completo com três fatores cruzados: genótipo (12 níveis), época de cultivo (primavera e outono) e estresse hídrico (sem déficit e com estresse hídrico), foi adotado o seguinte modelo para cada uma das variáveis respostas avaliadas:

$y_{jkl} = \mu + b_{ji} + E_i + T_k + G_l + ET_{ik} + EG_{il} + TG_{kl} + ETG_{ikl} + e_{jkl}, \forall j=1,2,\dots, J$ blocos dentro de época de cultivo; $i=1,2$ época de cultivo; $k=1,2$ estresse hídrico; $l=1,2,\dots,12$ genótipos, em que:

y_{jkl} é o valor observado da resposta correspondente à unidade experimental jkl ; μ representa a média geral da variável resposta no experimento; b_{ji} é o efeito do bloco dentro da época de cultivo; E_i é o efeito da época de cultivo; T_k é o efeito do estresse hídrico; G_l é o efeito do genótipo; ET_{ik} é o efeito da interação época de cultivo x estresse hídrico; EG_{il} é o efeito da interação época de cultivo x genótipo; TG_{kl} é o efeito da interação estresse hídrico x genótipo; ETG_{ikl} é o efeito da interação época de cultivo x estresse hídrico x genótipo; e_{jkl} é o erro experimental não observável, independente e identicamente distribuído em todas as unidades experimentais, suposto a seguir a distribuição normal de média zero e variância constante.

O quadrado médio do erro experimental foi usado como o denominador do teste F para testar a significância das fontes de variação consideradas no experimento. As comparações das médias em cada fonte de variação foram realizadas pelo teste de Tukey, protegido previamente pela significância do teste F global, com 5% de probabilidade de erro.

2.3 Resultados e Discussão

Análise de variância:

Os resultados da análise de variância para os efeitos principais, para as interações duplas e triplas, bem como para o desdobramento das interações, fixando o efeito do fator genótipo dentro de cada combinação dos níveis dos fatores época de cultivo e estresse hídrico encontram-se na tab.3.

Pela análise de variância foi significativo ($P \leq 0,05$) o efeito principal época de cultivo para a maioria das variáveis analisadas, exceto para o número de tubérculos pequenos e massa seca de tubérculos pequenos. Por outro lado, tanto para o fator estresse hídrico, assim como para o fator genótipo, para todas as variáveis analisadas os efeitos principais foram significativos.

O efeito da interação dupla, época de cultivo x estresse hídrico, apenas não foi significativo para as variáveis número de dias para iniciar a tuberização e massa seca de tubérculos grandes. Já o efeito da interação época de cultivo x genótipo foi significativo para todas as variáveis analisadas. Por outro lado, o efeito da interação estresse hídrico x genótipo foi significativo apenas para as variáveis dias para iniciar a tuberização, massa seca da parte aérea, número total de tubérculos, número de tubérculos grandes, número de tubérculos pequenos e massa seca de tubérculos pequenos.

O efeito da interação tripla, época de cultivo x estresse hídrico x genótipo, foi significativo apenas para duas das dez variáveis analisadas, respectivamente para massa seca da parte aérea e massa seca de raiz.

Embora o efeito da interação tripla tenha sido estatisticamente significativo apenas para duas variáveis, mas dado o fato de que, no caso de ocorrência de interações negativas os efeitos dos fatores se anularem e, assim, não permitindo que o teste F detecte a significância desses efeitos, foi realizado o desdobramento da interação tripla para verificar o efeito do fator genótipo dentro da combinação de cada nível dos fatores época de cultivo x estresse hídrico.

O efeito do genótipo no cultivo de primavera, tanto na condição sem déficit, como no estresse hídrico, foi significativo para todas as variáveis analisadas. No cultivo de outono, o efeito do genótipo, nas duas condições hídricas, não foi significativo para a variável dias para iniciar a tuberização. Com estresse hídrico, no

cultivo de outono, o efeito do genótipo não foi significativo para peso médio de tubérculos (tab.3).

Tabela 3 - Nível mínimo de significância das fontes de variação do experimento bloco (B), época de cultivo (EC), estresse hídrico (EH) e genótipo (G), bem como do desdobramento das interações, para as variáveis: dias para iniciar tuberização (DIT), massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca de raiz (MSR), número total de tubérculos (NTT), número de tubérculos grandes (NTG), número de tubérculos pequenos (NTP), massa seca de tubérculos grandes (MSTG), massa seca de tubérculos pequenos (MSTP), massa seca total de tubérculos (MST) e peso médio de tubérculos (PMT). Pelotas, 2012.

Fonte de variação	Variáveis									
	DIT	MSPA	MSR	NTT	NTG	NTP	MSTG	MSTP	MST	PMT
B	0,893	0,015	0,453	0,132	0,032	0,396	0,193	0,035	0,108	0,504
EC	0,005	0,000	0,000	0,009	0,000	0,548	0,000	0,698	0,000	0,009
EH	0,049	0,000	0,000	0,001	0,002	0,007	0,001	0,000	0,000	0,020
G	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
EC*EH	0,078	0,000	0,000	0,000	0,019	0,000	0,076	0,000	0,009	0,947
EC*G	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012
EH*G	0,009	0,000	0,507	0,001	0,032	0,001	0,152	0,000	0,075	0,344
EC*EH*G	0,079	0,000	0,001	0,282	0,490	0,240	0,493	0,107	0,435	0,708
G (EC ₁ , EH ₁)	0,003	0,001	0,000	0,000	0,001	0,001	0,025	0,027	0,022	0,003
G (EC ₁ , EH ₂)	0,020	0,004	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,001
G (EC ₂ , EH ₁)	0,070	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,011
G (EC ₂ , EH ₂)	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,109

*valores menores ou iguais a 0,05 foram considerados significativos. EC₁: primavera; EC₂: outono; EH₁: sem déficit; EH₂: com estresse hídrico.

Resposta dos genótipos na combinação dos fatores época de cultivo x estresse hídrico:

O efeito do estresse hídrico sobre todos os caracteres morfo-agronômicos mensurados é dependente da época de cultivo. Para todas as variáveis analisadas, com exceção do peso médio de tubérculos, no cultivo de primavera a resposta geral dos genótipos na condição de estresse hídrico é distinta daquela obtida na condição sem déficit. Diferentemente do que ocorre no cultivo de outono onde, para todas as variáveis analisadas, a resposta geral dos genótipos não diferiu entre o cultivo em ambas as condições hídricas, com estresse hídrico e sem déficit (tab. 4 e 14).

Esses resultados corroboram com os encontrados por Steyn et al., (1998) que observaram que o efeito negativo do estresse hídrico na produção de tubérculos é mais prejudicial na primavera do que no outono, devido, principalmente, à maior

demanda evaporativa da atmosfera e temperaturas mais elevadas na primavera

O estresse hídrico afeta o crescimento de parte aérea e de raiz, causando redução na expansão celular, condutância estomática, fotossíntese e consequentemente no acúmulo de matéria seca (HSIAO, 1990), fato que pode ser constatado no presente trabalho, em que, no cultivo de primavera, o estresse hídrico afetou praticamente todas as variáveis avaliadas.

Dias para iniciar a tuberização: No cultivo de primavera, sem déficit, o início do período de tuberização foi em média aos 45,69 dias após o plantio, diferindo do estresse hídrico, que em média iniciou aos 39,26 dias. No outono não houve diferença significativa para essa variável entre as condições sem déficit e com estresse hídrico (tab.4).

A comparação entre os genótipos no cultivo de primavera sem déficit mostra que alguns genótipos iniciam a tuberização mais precocemente, entre 27 e 31 dias após o plantio, Macaca, Atlantic e Baronesa, enquanto que outros são mais tardios, as cultivares Clara e Ana, juntamente com o clone C2360-07-02, entre 64 e 71 dias após o plantio. Já com estresse hídrico, dois clones avançados, C2337-06-02 e C2360-07-02 não chegaram a iniciar o período de tuberização, enquanto que as cultivares Agata, Baronesa, Atlantic, Desiree, Macaca e o clone CIP388615 foram mais precoces, iniciaram a tuberização entre 26 e 36 dias após o plantio, e a cultivar Ana e o clone PCDAG 03-11 foram mais tardios, entre 64 e 66 dias (tab.4).

O estresse hídrico afetou o início da tuberização, sendo que com estresse hídrico os genótipos iniciaram a tuberizar um pouco antes do que quando sem déficit, diferindo de resultados obtidos por Lahlou et al. (2003), que em ensaios a campo e em casa-de-vegetação, verificaram que o início do período de tuberização não foi afetado pelo estresse hídrico. Da mesma forma, Dwyer e Boisvert (1990) não observaram qualquer diferença no início de tuberização entre condições irrigadas e não irrigadas de batata. Esse fato pode ser explicado pela época distinta de cultivo que esses autores realizaram o experimento, uma vez que no cultivo de outono o estresse hídrico não afetou o início da tuberização.

Tabela 4 – Dias para iniciar a tuberação (DIT) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012.

Genótipo	Primavera		Outono		Média Geral
	Controle	Estresse	Controle	Estresse	
Agata	34,25bc	26,00b	35,86a	32,63a	33,38
Ana	71,00a	64,00a	45,00a	42,25a	46,35
Atlantic	31,00c	29,33b	40,50a	37,88a	36,48
Baronesa	31,25c	27,33b	31,63a	36,13a	32,57
C2337-06-02	36,00bc	*	42,25a	43,13a	-
C2360-07-02	71,00a	*	45,75a	44,88a	-
CIP388615	66,00a	29,50b	44,00a	40,50a	44,08
Caesar	60,75ab	45,33ab	41,88a	37,00a	43,91
Clara	64,00a	48,50ab	41,38a	44,88a	47,50
Desiree	36,25bc	34,50b	35,25a	34,38a	35,00
Macaca	27,50c	36,50b	40,50a	41,38a	37,96
PCDAG 03-11	50,00abc	66,33a	31,75a	37,00a	41,26
Média Geral	45,69	39,26	39,63	39,33	

Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem estatisticamente pelo teste t ($P \leq 0,05$). *não iniciaram a tuberação.

Massa seca de parte aérea: No cultivo de primavera, sem déficit, a massa seca da parte aérea foi em média de 61,47 g/planta, diferindo do que foi produzido com estresse hídrico no mesmo período de cultivo (18,59 g/planta). No cultivo de outono, não houve diferença entre a massa seca da parte aérea produzida sem déficit (3,77) do estresse hídrico 3,31 g/planta, mas diferindo significativamente do que foi produzido na primavera (tab.5).

A comparação entre os genótipos no cultivo de primavera na condição sem déficit mostra nos extremos de variação o clone avançado C2360-07-02 e a cultivar Ana com maior desenvolvimento de parte aérea, respectivamente com 145,21 e 133,70 g/planta, diferindo das cultivares Macaca, Atlantic e Agata, respectivamente com 23,60, 15,93 e 4,29 g/planta. Já com estresse hídrico nos extremos estão C2337-06-02, com 53,89 g/planta, e Agata, 0,03 g/planta (tab.5).

No cultivo de outono, na condição sem déficit, nos extremos encontra-se o clone C2360-07-02 e a cultivar Ana, com produção de 11,95 e 9,73 g/planta, e a cultivar Caesar, com 0,15 g/planta. Já na condição de estresse hídrico, a maior produção de parte aérea foi obtida no clone C2360-07-02, 14,08 g/planta, enquanto

que as menores produções foram observadas nos genótipos Caesar, Baronesa, Atlantic, PCDAG-03-11 e Macaca, entre 0,21 e 0,85 g/planta (tab.5).

Tabela 5 – Massa seca de parte aérea (MSPA) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012.

Genótipo	Primavera		Outono		Média Geral
	Controle	Estresse	Controle	Estresse	
Agata	4,29d	0,03d	2,25bcd	1,61cd	2,00
Ana	133,70a	10,21cd	9,73a	9,14b	30,28
Atlantic	15,93d	5,27cd	1,20cd	0,75d	4,19
Baronesa	31,02cd	3,68cd	1,24cd	0,56d	6,38
C2337-06-02	102,08ab	53,89a	3,59bcd	2,90cd	28,16
C2360-07-02	145,21a	31,58abc	11,95a	14,08a	38,14
CIP388615	40,05bcd	7,79cd	4,08bc	2,47cd	10,15
Caesar	64,71bcd	24,68bcd	0,15d	0,21d	15,01
Clara	90,57abc	48,80ab	5,38b	4,85c	26,64
Desiree	46,43bcd	5,36cd	3,25bcd	1,68cd	10,27
Macaca	23,60d	4,45cd	1,05cd	0,85d	5,31
PCDAG 03-11	40,10bcd	27,33abcd	1,20cd	0,63d	11,85
Média Geral	61,47	18,59	3,77	3,31	

Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem estatisticamente pelo teste t ($P \leq 0,05$).

Resultado semelhante de redução da massa seca de parte aérea na condição de estresse hídrico foi encontrado por Anithakumari (2011) que, ao analisar o comportamento de uma progênie de batata em condições de déficit hídrico, observou que o peso fresco da parte aérea reduziu em 67,4 %.

Massa seca de raiz: No cultivo de primavera, sem déficit, a massa seca de raiz foi em média de 8,86 g/planta, diferindo do que foi produzido com estresse hídrico (4,19 g/planta). Já no cultivo de outono não houve diferença entre a massa seca de raiz produzida sem déficit, do que foi produzido com estresse hídrico, 0,76 e 1,35 g/planta, mas diferindo significativamente do que foi produzido na primavera (tab.6).

A comparação entre os genótipos no cultivo de primavera sem déficit mostra nos extremos o clone C2360-07-02, com média de 17,76 g/planta, e a cultivar Agata, com 0,92 g/planta. Com estresse hídrico, os extremos são a cultivar Clara e o clone

C2337-06-02 respectivamente com produção de 8,79 e 8,42 g/planta e a cultivar Agata, com 0,14 g/planta (tab.6).

No cultivo de outono, sem déficit, os genótipos Ana e C2360-07-02, respectivamente com 3,11 e 2,43 g/planta, diferiram significativamente dos demais genótipos avaliados, que produziram entre 0,66 e 0,03 g/planta de massa seca de raiz. Da mesma forma, com estresse hídrico, C2360-07-02 e Ana, respectivamente com produção de 5,94 e 4,97 g/planta de massa seca de raiz, diferiram dos demais genótipos em estudo, que produziram entre 1,33 e 0,05 g/planta (tab.6).

Tabela 6 - Massa seca de raiz (MSR) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012.

Genótipo	Primavera		Outono		Média Geral
	Controle	Estresse	Controle	Estresse	
Agata	0,92f	0,14e	0,48b	0,56b	0,52
Ana	11,81abcd	5,20abc	3,11a	4,97a	5,52
Atlantic	5,65def	2,33cde	0,18b	0,24b	1,47
Baronesa	5,64def	1,23de	0,16b	0,20b	1,26
C2337-06-02	16,41ab	8,42a	0,61b	0,95b	4,66
C2360-07-02	17,76a	7,22ab	2,43a	5,94a	6,95
CIP388615	10,66bcd	5,33abc	0,66b	1,33b	3,33
Caesar	6,65cdef	3,45cde	0,03b	0,05b	1,71
Clara	12,13abc	8,79a	0,80b	1,19b	4,15
Desiree	7,84cde	2,54cde	0,44b	0,51b	2,04
Macaca	3,26ef	1,03de	0,11b	0,19b	0,81
PCDAG 03-11	7,61cde	4,67bcd	0,11b	0,12b	2,12
Média Geral	8,86	4,19	0,76	1,35	

Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem estatisticamente pelo teste t ($P \leq 0,05$).

A massa seca de raiz teve uma redução de 52,7% com estresse hídrico em relação à condição sem déficit. Esse resultado foi contrário ao trabalho observado no trabalho realizado por Anithakumari (2011), onde o volume de raízes aumentou sob estresse, sugerindo que ocorra, como um mecanismo adaptativo da planta, um direcionamento para um aumento de biomassa no sistema radicular. Entretanto, essa diferença observada entre esses dois trabalhos pode ser pelo fato de que, no presente trabalho, as plantas foram cultivadas em sistema hidropônico, no qual existe uma limitação para o desenvolvimento completo do sistema radicular.

Pimentel e Perez (2000), em trabalhos com soja, alertam que a avaliação do sistema radicular em casa de vegetação não é recomendada como parâmetro indicador de tolerância à deficiência hídrica.

Número total de tubérculos: No cultivo de primavera, com estresse hídrico, foram produzidos em média 4,67 tubérculos/planta, diferindo significativamente do que foi produzido na mesma época de cultivo, sem déficit (15,48), e do que foi produzido no outono nas duas condições, sem déficit (12,58) e com estresse hídrico (14,69). O número total de tubérculos produzidos na primavera com estresse hídrico, assim como no outono, em ambas as condições hídricas, não diferiram estatisticamente (tab. 7).

A comparação entre os genótipos no cultivo de primavera sem déficit mostra nos extremos de variação as cultivares Baronesa, Clara, Desiree e Atlantic, com média de produção entre 33 e 27,50 tubérculos por planta, e a cultivar Ana, em média 0,25 tubérculos por planta, e o clone C2337-06-02 que não produziu tubérculos. Já com estresse hídrico em um extremo encontra-se a cultivar Clara, diferindo de todos os demais genótipos, com média de 19,25 tubérculos/planta e, no outro extremo, os clones C2337-06-02, C2360-07-02, CIP388615 e a cultivar Ana, que produziram entre zero e 0,5 tubérculo/planta (tab.7).

No cultivo de outono, sem déficit, em um extremo encontra-se a cultivar Ana, com média de 24,13 tubérculos/planta, e no outro extremo estão o clone PC DAG 03-11 e a cultivar Caesar, com respectivamente 4,63 e 4,38 tubérculos/planta. Com estresse hídrico é nítida a formação de três grupos, o clone C2360-07-02, com média de 49,13 tubérculos/planta, diferindo dos demais genótipos, seguido da cultivar Ana, com 33,25 tubérculos/planta, que também diferiu dos demais genótipos em estudo enquanto que o restante dos genótipos não diferiu entre si, com número de tubérculos produzidos por planta variando entre 17 e 3,38 (tab.7).

Esses resultados corroboram com outros estudos que também demonstraram que o déficit hídrico tem um efeito drástico sobre número de tubérculos produzidos (MACKERRON; JEFFERIES, 1986; HAVERKORT et al. 1991, WALWORTH; CARLING, 2002; ANITHAKUMARI, 2011).

Tabela 7 – Número total de tubérculos (NTT) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012.

Genótipo	Primavera		Outono		Média Geral
	Controle	Seca	Controle	Seca	
Agata	18,75abc	3,75bc	18,57abc	13,13c	14,13
Ana	0,25d	0,50c	24,13a	33,25b	19,25
Atlantic	27,50a	3,25bc	8,25ef	4,50c	9,38
Baronesa	33,00a	6,00bc	6,13ef	5,25c	10,29
C2337-06-02	0,00d	0,00c	12,00cde	14,13c	8,71
C2360-07-02	1,25cd	0,00c	23,38ab	49,13a	24,38
CIP388615	6,00cd	0,50c	17,38abc	17,00c	12,54
Caesar	1,75cd	6,75b	4,38f	3,88c	4,17
Clara	32,50a	19,25a	10,13def	11,50c	15,83
Desiree	31,50a	7,00b	16,75bcd	16,88c	17,63
Macaca	24,50ab	7,00b	6,00ef	4,25c	8,67
PCDAG 03-11	8,75bcd	2,00bc	4,63f	3,38c	4,46
Média Geral	15,48	4,67	12,58	14,69	

Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem estatisticamente pelo teste t ($P \leq 0,05$).

Número de tubérculos grandes: No cultivo de primavera, com estresse hídrico, foram produzidos em média 0,79 tubérculos grandes/planta, diferindo significativamente do número de tubérculos grandes produzidos na mesma época, mas sem déficit (3,58), assim como da quantidade de tubérculos grandes produzidos no outono, sem déficit e com estresse hídrico, respectivamente 5,34 e 4,97 tubérculos grandes/planta. O número de tubérculos grandes produzidos no outono, com estresse hídrico e sem déficit, não diferiu significativamente entre si. Da mesma forma, os tubérculos grandes produzidos na primavera sem déficit também não diferiu do número de tubérculos grandes produzidos no outono com estresse hídrico (tab. 8).

Na comparação entre os genótipos, no cultivo na primavera sem déficit, em um extremo estão as cultivares Clara e Baronesa, com 11 e 8,25 tubérculos grandes por planta e no outro a cultivar Caesar, juntamente com os clones CIP388615 e C2337-06-02, que não produziram tubérculos grandes. Na condição com estresse hídrico, em um extremo está a cultivar Clara, com média de 4,0 tubérculos grandes

por planta, diferindo significativamente dos demais genótipos, que produziram entre zero e 1,5 tubérculos grandes por planta (tab. 8).

Tabela 8 – Número de tubérculos grandes (NTG) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012.

Genótipo	Primavera		Outono		Média Geral
	Controle	Estresse	Controle	Estresse	
Agata	6,25abc	0,00c	6,57bcd	3,13cd	4,17
Ana	0,25d	0,00c	9,75ab	10,63b	6,83
Atlantic	7,00ab	1,00bc	5,13cde	2,25cd	4,00
Baronesa	8,25a	0,00c	2,63def	1,38d	2,88
C2337-06-02	0,00d	0,00c	5,63bcde	5,00cd	3,54
C2360-07-02	0,75cd	0,00c	11,25a	19,25a	10,29
CIP388615	0,00d	0,00c	9,13abc	6,38bc	5,17
Caesar	0,00d	0,50c	0,38f	0,88d	0,50
Clara	11,00a	4,00a	5,75bcde	5,25cd	6,17
Desiree	6,00abc	0,00c	3,38def	2,50cd	2,96
Macaca	2,50bcd	1,50bc	2,13ef	1,25d	1,79
PCDAG 03-11	1,00cd	0,25c	2,50def	1,75cd	1,63
Média Geral	3,58	0,79	5,34	4,97	

Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem estatisticamente pelo teste t ($P \leq 0,05$).

No cultivo de outono, sem déficit, no extremo superior encontram-se o clone C2360-07-02, com 11,25 tubérculos grandes por planta, não diferindo da cultivar Ana (9,75) e do clone CIP388615 (9,13) enquanto que no extremo inferior encontra-se a cultivar Caesar (0,38). Já com estresse hídrico, o clone C2360-07-02 diferiu significativamente dos demais genótipos, com 19,25 tubérculos grandes por planta, e no extremo inferior encontra-se as cultivares Baronesa, Macaca e Caesar com o número de tubérculos grandes produzidos por planta variando entre 1,38 e 0,88.

Na condição de déficit hídrico o número de tubérculos grandes produzidos também foi reduzido quando comparado com a condição sem déficit, corroborando com o estudo realizado por Walworth e Carling (2002) que também encontraram redução no número de tubérculos grandes em condição de estresse por seca.

Número de tubérculos pequenos: No cultivo de primavera com estresse hídrico, o número de tubérculos pequenos produzidos por planta (3,88) foi significativamente inferior ao que foi produzido na mesma época de cultivo, porém

sem déficit (11,90), e do que foi produzido no outono, nas duas condições hídricas, sem déficit (7,24) e com estresse hídrico (9,72). Os valores encontrados no cultivo de outono não diferiram entre si (tab. 9).

Na comparação entre os genótipos, no cultivo de primavera sem déficit, em um extremo encontram-se as cultivares Desiree e Baronesa, respectivamente com média de produção de 25,50 e 24,75 tubérculos pequenos por planta, e no outro extremo as cultivares Caesar e Ana, juntamente com os clones C2360-07-02 e C2337-06-02 com valores entre 1,75 e zero. Com estresse hídrico em um extremo encontra-se a cultivar Clara, com média de 15,25 tubérculos pequenos por planta, diferindo dos demais genótipos, e no extremo inferior, encontra-se CIP388615, Ana, C2360-07-02 e C2337-06-02, com valores entre zero e 0,50 (tab. 9).

No cultivo de outono sem déficit, em um extremo estão as cultivares Ana e Desiree, respectivamente com 14,38 e 13,38 tubérculos pequenos por planta, e no outro extremo o clone PCDAG 03-11 juntamente com as cultivares Atlantic e Baronesa, com valores entre 2,13 e 3,50 (tab. 9).

Tabela 9 – Número de tubérculos pequenos (NTP) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012.

Genótipo	Primavera		Outono		Média Geral
	Controle	Estresse	Controle	Estresse	
Agata	12,50abcd	3,75bcd	12,00ab	10,00cd	9,96
Ana	0,00d	0,50d	14,38a	22,63ab	12,42
Atlantic	20,50abc	1,00cd	3,13d	2,25d	5,38
Baronesa	24,75a	5,00bcd	3,50d	3,88cd	7,42
C2337-06-02	0,00d	0,00d	6,38cd	9,13cd	5,17
C2360-07-02	0,50d	0,00d	12,13ab	29,88 ^a	14,08
CIP388615	6,00cd	0,50d	8,25bc	10,63cd	7,38
Caesar	1,75d	6,25bc	4,00cd	3,00d	3,67
Clara	21,50ab	15,25a	4,38cd	6,25cd	9,67
Desiree	25,50a	7,00b	13,38a	14,38bc	14,67
Macaca	22,00ab	5,50bcd	3,88cd	3,00d	6,88
PCDAG 03-11	7,75bcd	1,75bcd	2,13d	1,63d	2,83
Média Geral	11,90	3,88	7,24	9,72	

Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem estatisticamente pelo teste t ($P \leq 0,05$).

A redução do número de tubérculos pequenos (NTP) produzidos por planta com estresse hídrico é contrario ao que é relatado na literatura. Harris (1978) relata que a ocorrência de déficit hídrico no estágio de tuberização acentua a redução no tamanho dos mesmos. Da mesma forma, Dwyer e Boisvert (1990) relatam que a seca geralmente aumenta o número e o percentual de tubérculos nas categorias de tamanho menor. Por outro lado, no presente trabalho, no cultivo de outono, embora não tenha sido significativo estatisticamente, na condição com estresse hídrico apresentou o maior número de tubérculos pequenos (tab.9).

Massa seca de tubérculos grandes: Não houve diferença significativa na massa seca de tubérculos grandes produzidos no cultivo de outono, tanto na condição sem déficit, 13,19 g/planta, como com estresse hídrico, 10,79 g/planta. No cultivo de primavera, a massa seca de tubérculos grandes produzidos sem déficit, 8,63 g/planta, não diferiu do que foi produzido no outono com estresse hídrico. Já no cultivo na primavera, com estresse hídrico, a massa seca de tubérculos grandes produzidos, 1,24 g/planta, diferiu significativamente de todas as demais combinações de fatores (tab. 10).

Tabela 10 - Massa seca de tubérculos grandes (MSTG) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012.

Genótipo	Primavera		Outono		Média Geral
	Controle	Estresse	Controle	Estresse	
Agata	16,15b	0,00b	10,25de	5,45de	7,82
Ana	0,29b	0,00b	26,70ab	18,80b	15,21
Atlantic	18,85ab	5,44a	8,03de	5,33de	8,50
Baronesa	12,37b	0,79b	6,36de	3,21de	5,38
C2337-06-02	0,00b	0,00b	15,22bcd	9,51bcde	8,24
C2360-07-02	4,40b	0,00b	33,21a	43,10 ^a	26,17
CIP388615	0,00b	0,00b	14,48cd	12,87bcd	9,12
Caesar	0,00b	0,19b	0,48e	1,22e	0,60
Clara	38,68a	6,45a	22,43abc	16,08bc	20,36
Desiree	6,35b	0,00b	9,39de	5,76cde	6,11
Macaca	5,49b	1,99b	4,50de	3,54de	3,92
PCDAG 03-11	0,96b	0,09b	6,89de	4,67de	4,02
Média Geral	8,63	1,24	13,19	10,79	

Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem estatisticamente pelo teste t ($P \leq 0,05$).

Na comparação entre os genótipos, no cultivo de primavera, sem déficit, a cultivar Clara, com 38,68 g/planta, não diferiu da Atlantic, com 18,85 g/planta, mas diferiu dos demais genótipos em estudo. Com exceção da cultivar Clara, os demais genótipos não diferiram entre si. Com estresse hídrico, as cultivares Clara (6,45) e Atlantic (5,44) também não diferiram entre si, mas diferiram dos demais genótipos (tab. 10).

No cultivo de outono, sem déficit, nos extremos encontram-se o clone C2360-07-02, com 33,21 g/planta, e a cultivar Caesar, com 0,48 g/planta. Com estresse hídrico esses mesmos genótipos também são os extremos de variação, respectivamente com 43,10 e 1,22 g/planta (tab. 10).

Massa seca de tubérculos pequenos: Não houve diferença significativa na massa seca de tubérculos pequenos produzidos no cultivo de outono, tanto na condição sem déficit, 1,52 g/planta, como com estresse hídrico (2,08). Por outro lado, no cultivo de primavera, a massa seca de tubérculos pequenos produzidos sem déficit (3,37) diferiu do que foi produzido com estresse hídrico (0,61), e ambos foram significativamente distintos do que foi produzido no cultivo de outono (tab. 11).

Tabela 11 - Massa seca de tubérculos pequenos (MSTP) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012.

MSTP (g/planta)					
Genótipo	Primavera		Outono		Média Geral
	Controle	Estresse	Controle	Estresse	
Agata	4,26ab	0,62b	2,48ab	1,95cde	2,28
Ana	0,00b	0,12b	2,84a	6,15a	3,02
Atlantic	6,14ab	0,13b	0,82cd	0,74de	1,56
Baronesa	5,17ab	0,64b	0,64cd	1,10cde	1,55
C2337-06-02	0,00b	0,00b	1,51bc	2,62bcd	1,38
C2360-07-02	0,24b	0,00b	1,56bc	4,47ab	2,05
CIP388615	0,65b	0,09b	1,53bc	1,71cde	1,20
Caesar	0,42b	0,27b	1,18cd	0,76de	0,81
Clara	7,85a	3,89a	1,11cd	1,24cde	2,74
Desiree	8,71a	0,81b	3,07a	3,34bc	3,73
Macaca	3,66ab	0,46b	1,19cd	0,63de	1,29
PCDAG 03-11	1,12b	0,26b	0,43d	0,26e	0,46
Média Geral	3,37	0,61	1,52	2,08	

Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem estatisticamente pelo teste t ($P \leq 0,05$).

Na comparação entre os genótipos, no cultivo de primavera sem déficit, com exceção das cultivares Desiree (8,71) e Clara (7,85), que não diferiram entre si e nem das cultivares Atlantic, Baronesa, Agata e Macaca, os genótipos avaliados não diferiram entre si. Já com estresse hídrico, a cultivar Clara, com 3,89 g/planta, foi o único genótipo que diferiu dos demais (tab.11).

No cultivo de outono, sem déficit, em um extremo estão as cultivares Desiree (3,07) e Ana (2,84), que não diferiram entre si e nem da cultivar Agata (2,48), e no extremo oposto encontra-se o clone avançado PCDAG 03-11 (0,43). Na condição com estresse hídrico, a cultivar Ana, com 6,15 g/planta, diferiu de todos os demais genótipos avaliados, exceto do clone avançado C2360-07-02, com 4,47 g/planta. No extremo oposto está o clone PCDAG 03-11, com 0,26 g/planta (tab.11).

Massa seca total de tubérculos: Não houve diferença significativa na massa seca total de tubérculos produzidos no cultivo de outono, tanto sem déficit, 14,71 g/planta, como com estresse hídrico, 12,88 g/planta, e nem com o produzido na primavera sem déficit, 11,79 g/planta. Já no cultivo na primavera, em condição de déficit hídrico, a massa seca total de tubérculos produzidos, 1,85 g/planta, foi distinto das demais combinações de fatores (tab. 12).

Na comparação entre os genótipos no cultivo de primavera, na condição sem estresse, a cultivar Clara, com produção de 46,53 g/planta, diferiu dos demais genótipos, exceto da cultivar Atlantic, que produziu 24,99 g/planta. Os demais genótipos não diferiram entre si e nem da cultivar Atlantic. Na condição de déficit hídrico, a cultivar Clara diferiu de todos os genótipos, com 10,34 g/planta, seguida pela cultivar Atlantic (5,56), que também diferiu de todos os genótipos. Os demais clones avaliados não diferiram entre si (tab. 12).

No cultivo de outono, na condição sem estresse, em um extremo encontram-se o clone C2360-07-02, com 37,77 g/planta e a cultivar Ana, com 29,55 g/planta, os quais não diferiram da cultivar Clara (23,54), mas diferiram dos demais genótipos avaliados. No extremo oposto encontra-se a cultivar Caesar, com 1,66 g/planta. Na condição de déficit hídrico, o clone C2360-07-02 diferiu de todos os genótipos, com 47,56 g/planta. No extremo oposto encontra-se a cultivar Caesar, com 1,98 g/planta (tab.12).

Tabela 12 - Massa seca total de tubérculos (MSTT) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012.

Genótipo	Primavera		Outono		Média Geral
	Controle	Estresse	Controle	Estresse	
Agata	20,41b	0,62c	12,72bcd	7,41cde	10,10
Ana	0,29b	0,12c	29,55a	24,95b	18,23
Atlantic	24,99ab	5,56b	8,84cd	6,08cde	10,06
Baronesa	17,54b	1,42c	7,00cd	4,31de	6,93
C2337-06-02	0,00b	0,00c	16,72bc	12,13cde	9,62
C2360-07-02	4,64b	0,00c	34,77a	47,56a	28,22
CIP388615	0,65b	0,09c	16,01bc	14,58bcd	10,32
Caesar	0,11b	0,46c	1,66d	1,98e	1,31
Clara	46,53a	10,34a	23,54ab	17,32bc	23,10
Desiree	15,06b	0,81c	12,46bcd	9,10cde	9,83
Macaca	9,15b	2,45c	5,69cd	4,17de	5,22
PCDAG 03-11	2,08b	0,35c	7,32cd	4,92de	4,48
Média Geral	11,79	1,85	14,71	12,88	

Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem estatisticamente pelo teste t ($P \leq 0,05$).

A massa seca total de tubérculos produzidos por planta foi superior na condição sem déficit quando comparado ao estresse hídrico. Esse resultado está de acordo com Casanova et al. (2011) que observou uma redução em 32% no rendimento total e 36% na produtividade comercial ao comparar cultivos de batata irrigação deficitária versus irrigação padrão.

Peso médio de tubérculos: Não houve diferença significativa no peso médio de tubérculos produzidos no cultivo de primavera, tanto na condição sem déficit, 0,73 g/tubérculo, como na condição com estresse hídrico, 0,43 g/tubérculo. Situação semelhante ocorreu no cultivo de outono, com 1,22 e 0,92 g/tubérculo, respectivamente na condição sem e com estresse. Já o peso médio de tubérculos produzidos no outono na condição sem estresse foi significativamente superior ao produzido na primavera, em ambas as condições hídricas. Da mesma forma, o peso médio de tubérculos produzidos no outono no cultivo com déficit hídrico foi significativamente inferior ao produzido no outono (tab. 13).

Na comparação entre os genótipos no cultivo de primavera, na condição sem déficit, o clone C2360-07-02 diferiu significativamente dos demais genótipos, com

peso médio de tubérculo de 3,71g. No extremo oposto encontra-se a cultivar Caesar, com 0,06 g/tubérculo. Na condição com estresse hídrico a cultivar Atlantic, com peso médio de tubérculo de 1,84g, diferiu de todos os genótipos. Os demais genótipos não diferiram entre si (tab. 13).

No cultivo de outono, na condição sem déficit, a cultivar Clara diferiu de todos os genótipos, com peso médio de 2,20 g/tubérculo. No extremo oposto encontra-se a cultivar Caesar (0,39). Com estresse hídrico os genótipos avaliados não diferiram entre si (tab. 13).

Os resultados do presente trabalho mostram que a resposta de cada genótipo nesse estudo, para cada variável analisada, é dependente da interação dos fatores época de cultivo e condição hídrica. Grande variabilidade foi encontrada entre os genótipos avaliados com estresse hídrico, nas duas épocas de cultivo, para a grande maioria das variáveis estudadas, corroborando com os resultados obtidos por Harris (1978) e Levy (1983), de que a resposta diferencial de cultivares de batata ao déficit hídrico indica que há variabilidade genética para tolerância a seca no germoplasma cultivado de batata.

Tabela 13 – Peso médio de tubérculos (PMT) de 12 genótipos de batata cultivados na primavera e no outono, sem déficit (controle) e com estresse hídrico (estresse). Pelotas, 2012.

Genótipos	Primavera		Outono		Média Geral
	Controle	Estresse	Controle	Estresse	
Agata	1,28b	0,13b	0,64cd	0,61a	0,71
Ana	1,14bc	0,25b	1,14bcd	0,80a	0,90
Atlantic	0,64bc	1,84a	1,33abc	1,42a	1,31
Baronesa	0,59bc	0,17b	1,04bcd	0,64a	0,71
C2337-06-02	*	*	1,45abc	0,90a	1,17
C2360-07-02	3,71a	*	1,43abc	1,07a	1,40
CIP388615	0,15bc	0,17b	1,03bcd	0,87a	0,76
Caesar	0,06c	0,06b	0,39d	0,52a	0,39
Clara	1,19bc	0,56b	2,20a	1,26a	1,45
Desiree	0,42bc	0,18b	0,87cd	0,49a	0,55
Macaca	0,39bc	0,43b	1,27bc	0,98a	0,89
PCDAG 03-11	0,27bc	0,20b	1,77ab	1,45a	1,23
Média Geral	0,73	0,43	1,22	0,92	

Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem estatisticamente pelo teste t ($P \leq 0,05$).

* genótipos não produziram tubérculos

Dos genótipos avaliados, no cultivo de primavera e em condição de déficit hídrico, destaca-se a cultivar Clara, que diferiu dos demais genótipos para o número e massa seca de tubérculos produzidos por planta, assim como para o número de tubérculos grandes produzidos por planta. Para o cultivo de outono, em condição de déficit hídrico, o destaque é o clone avançado C2360-07-02 que, para os mesmos caracteres acima citados, diferiu significativamente dos demais genótipos. Outro clone que apresentou bons resultados em condição de déficit hídrico no cultivo de outono foi a cultivar Ana que, embora tenha sido inferior ao clone C2360-07-02, também foi significativamente superior aos demais genótipos avaliados para os caracteres relacionados com a produção de tubérculos. Esses resultados mostram uma tendência de uma melhor adaptação ao déficit hídrico das duas cultivares que foram lançadas mais recentemente pelo programa de melhoramento da Embrapa.

Conclusões

- Genótipos de batata respondem diferencialmente ao estresse hídrico dependendo da época de cultivo, primavera ou outono.
- O efeito negativo do estresse de hídrico no desenvolvimento e produção de tubérculos é mais pronunciado no cultivo de primavera do que no de outono.
- O germoplasma desenvolvido recentemente pelo programa de melhoramento genético de batata da Embrapa mostra uma tendência de maior adaptação à condição de estresse hídrico.

Referências

- ABBASIFAR, A.R. A. Study on the possibility of autumn sowing of potato in cold Climate. **Acta Horticulturae**, v. 830, p. 327-334, 2009.
- AGRIANUAL 2011. **Anuário da agricultura brasileira**. São Paulo: FNP Consultoria e Comércio, 2011. 482p.
- ANITHAKUMARI, A. M. **Genetic dissection of drought tolerance in potato**. Thesis (Doctor in plant breeding). 2011. 152f. Wageningen University, Wageningen.
- BISOGNIN, D. A. **Recomendações técnicas para o cultivo da batata no Rio Grande do Sul e Santa Catarina**. Santa Maria: UFSM, 1996. 64p.
- BISOGNIN, D. A.; MÜLLER, D. R.; STRECK, N. A.; ANDRIOLO, J.L.; SAUSEN, D. Desenvolvimento e rendimento de clones de batata na primavera e no outono. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.699-705, 2008.
- BOYER, J. S. Plant Productivity and Environment. **Science**, v. 218, p.443-448, 1982.
- BURTON, W. G. Challenges for stress physiology in potato. **American Potato Journal**, v.58, p.3-14, 1981.
- CASANOVA, S.; CARLESSO, R.; GARCÍA, C.; VILARÓ, F. Morpho physiological and yield modifications in two potato cultivars under different Irrigation managements. **Acta Horticulturae**, v.889, p.445-452, 2011
- DALLA COSTA, L.; DELLE VEDOVE, G.; GIANQUINTO, G.; GIOVANARDI, R.; PERESSOTTI, A.; Yield, water use efficiency and nitrogen uptake in potato: influence of drought stress. **Potato Research**, v.40, p.19-34, 1997.
- DEBLONDE, P. M. K.; LEDENT, J. F. Effects of moderate drought conditions on green leaf number, stem height, leaf length and tuber yield of potato cultivars. **European Journal of Agronomy**, v.14, p. 31-41, 2001.
- DWYER, L. M., BOISVERT, J.B. Response to irrigation of two potato cultivars (*Solanum tuberosum* L. 'Kennebec' and 'Superior'). **Journal Canadian Agricultural Engineering**, v.32, p.197-203, 1990.
- EWING, E. E. Heat stress and the tuberization stimulus. **American Potato Journal**, v.58, p.31-49, 1981.
- EMBRAPA, 2012. **Laboratório de Agrometeorologia**. Disponível em: <<http://www.cpact.embrapa.br/agromet/>>. Acesso: 04 mar. 2012.
- FAOSTAT, 2011. **The agricultural production domain covers**. Disponível em: <<http://www.fao.org/crop/statistics.html>>. Acesso: 20 jul. 2011.

FERNÁNDEZ, S. C. **Morfofisiologia da cultura de batata submetida a diferentes regimes hídricos**. 2008. 112f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Agrícola). Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria.

FLEISHER, D. H.; TIMLIN, D. J.; REDDY, V. R. Temperature Influence on Potato Leaf and Branch Distribution and on Canopy Photosynthetic Rate. **American Society of Agronomy**, v.98, p.1442–1452, 2006.

GIPB, 2012. Disponível em <<http://km.fao.org/gipb/home/en/>>. Acesso em: 22 mar. 2012.

HARRIS, P. M. Water. In: HARRIS, P. M. (Ed.) **The potato crop: The scientific basis for improvement**. London: Chapman & Hall, 1978. p. 244-277.

HAVERKORT, A. J.; FASAN, T.; VAN DE WAART, M. The influence of cyst nematodes and drought on potato growth. 2. Effects on plant water relations under semi-controlled conditions. **European Journal of Plant Pathology**, v.97, p.162-170, 1991.

HIDE, G. A.; LAPWOOD, D. H. Disease aspects of potato production, in the potato crop. In: HARRIS, P. M. (Ed.) **The potato crop: The scientific basis for improvement**. London: Chapman & Hall, 1978. p.724-730

HIJMANS, R. J. The effect of climate change on global potato production. **American Journal of Potato Research**, v.80, p.271-280, 2003.

HSIAO, T. C. Measurements of plant water status. In: STEWART, B. A.; NIELSEN, D. R. **Irrigation of agricultural crops**. New York: American Society of Agronomy, 1990, p. 244-280.

HUGHES, J. C. Factors influencing the quality of ware potatoes. 2. Environmental factors. **Potato Research**, v.17, p.512-547, 1974.

IPCC. **Climate change 2007: The physical science basis – Contribution of working group I to the fourth assessment report of the Intergovernmental Panel on Climate Change**. Cambridge: Cambridge University Press, 2007. 989p.

LAHLOU, O.; OUATTAR, S.; LEDENT, J.F. The effect of drought and cultivar on growth parameters, yeild and yield components of potato. **Agronomie**, v.23, p. 257-268, 2003.

LEVY, D. Varietal differences in the response of potatoes to repeated short periods of water stress in hot climates. 2. Tuber yield and dry matter accumulation and other properties. **Potato Research**, v. 26, p. 315-321, 1983.

LOPES, C. A.; SILVA, G.O.; CRUZ, E. M.; ASSAD, E.; PEREIRA, A. S. Uma análise do efeito do aquecimento global na produção de batata no Brasil. **Horticultura Brasileira**, v.29, p.7-15, 2011.

LOVATO, C. **Influência do ambiente no desenvolvimento da planta de batata.** Disponível em: http://www.abbabatatabrasileira.com.br/revista11_017.htm. Acesso: 20 marc. 2012.

MACKERRON, D. K. L.; JEFFERIES, R. A. Observation on the effects of relief of late water stress in potato. **Potato Research**, v.28, p.349-359, 1985.

MACKERRON, D. K. L.; JEFFERIES, R. A. The influence of early soil moisture stress on tuber numbers in potato. **Potato Research**, v. 29, p.299-312, 1986.

MARINUS, J.; BODLAENDER, K. B. A. Response of some potato varieties to temperature. **Potato Research**, v.18, p.189-201, 1975.

MCWILLIAM, J. The dimensions of drought. In: BAKER, F. **Drought resistance in cereals Wallingford**, Wallingford: CAB International, 1989, p. 1-11.

MEDEIROS, C.A.B.; ZIEMER, A.H.; DANIELS, J.; PEREIRA, A.S. Produção de sementes pré-básicas de batata em sistemas hidropônicos. **Horticultura Brasileira**, v.20, p.110-114, 2002.

MENEZES, C. B.; PINTO, C. A. B. P.; NURMBERG, P. L.; LAMBERT, E. S. Avaliação de genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) nas safras “das águas” e de inverno no sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, v.23, p.776-783, 1999.

MILLER, D.; MARTIN, M. Effect of declining or interrupted irrigation on yield and quality of three potato cultivars grown on sandy soil. **Potato Research**, v.64, p.109-117, 1987.

MOORBY, J.; MILTHORPE F. L. **Crop Physiology**. England: Cambridge University Press, 1975, 374p.

MULLER, D.R.; BISOGNIN, D.A.; ANDRIOLO, J.L.; DELLAI, J.; COPETTI, F. Produção hidropônica de batata em diferentes concentrações de solução nutritiva e épocas de cultivo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.647-653, 2007.

PENNISI, E. The blue revolution, drop by drop, gene by gene. **Science**, v.320, p.171-173. 2008.

PEREIRA, A. D. S.; MEDEIROS, C. A. B.; REISSER JÚNIOR, C.; CASTRO, C. M.; GOMES, C. B.; FREIRE, C. J. D. S.; NAVA, D. E.; I. R. D.; MADAIL, J. C. M.; DANIELS, J.; WREGE, M. S.; NAZARENO, N. R. X. D.; BERTONCINI, O.; STEINMETZ, S. **Produção de batata no Rio Grande do Sul**. Disponível em: <http://www.cpact.embrapa.br/publicacoes/catalogo/tipo/sistemas/sistema19_novo/cap1_introducao_e_importancia_economica.htm> Acesso em: 02 dez. 2011.

PIMENTEL, C.; PEREZ, A. J. C. Estabelecimento de parâmetros para avaliação de tolerância a seca em genótipos de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p.31-39, 2000.

REISSER JUNIOR, C.; CASTRO, C. M.; MEDEIROS, C. A. B.; PEREIRA, A. da S.; CARVALHO, G. C. Methods for selection to drought tolerance in potatoes. **Acta Horticulturae**, v. 889, p. 391-396, 2011.

SAS LEARNING EDITION. **Getting started with the SAS learning edition**. Cary: SAS Institute, 2002. 81p.

SIMMONDS, N. W. The potential of potatoes in the tropics. **Tropical Agriculture**, v.48, p.291-299, 1971.

STEYN, J. M.; KAGABO, D. M.; ANNANDALE, J. G. Potato growth and yield responses to irrigation regimes in contrasting seasons of a subtropical region. **African Crop Science Conference Proceedings**, v.8, p.1647-1651, 2007.

STEYN, J. M.; PLESSIS, H. F. DU.; FOURIE, P.; HAMMES, P. S. Yield response of potato genotypes to different soil water regimes in contrasting seasons of a subtropical climate. **Potato Research**, v.41, p.239- 254, 1998.

STRECK, N.A.; PAULA, F.L.M.; BISOGNIN, D.A.; HELDWEIN, A.B.; DELLAI, J. Simulating the development of fieldgrown potato (*Solanum tuberosum* L.). **Agricultural and Forest Meteorology**, v.142, p.1-11, 2007.

STRUICK, P. C. Responses of the plant to temperature. In: VREUGDENHIL, D. **Potato biology and biotechnology advances and perspectives**. Amsterdã: Elsevier, 2007, p. 367-391.

TOURNEUX, C.; DEVAUX, A.; CAMACHO, M.R.; MAMANI, P.; LEDENT, J.F. Effects of water shortage on six potato genotypes in the highlands of Bolivia (II): water relations, physiological parameters. **Agronomie**, v. 23, p.181-190, 2003 (a).

TOURNEUX, C.; DEVAUX, A.; CAMACHO, M.R.; MAMANI, P.; LEDENT, J.F. Effects of water shortage on six potato genotypes in the highlands of Bolivia (I): morphological parameters, growth and yield. **Agronomie**, v. 23, p.169-179, 2003 (b).

VAN LOON, C. The effect of water stress on potato growth, development, and yield. **Potato Research**, v.58, p.51-69, 1981.

WALWORTH, J. L.; CARLING, D. E. Tuber initiation and development in irrigated and non-irrigated potatoes. **American Journal of Potato Research**, v.79, p.387-395, 2002.

WREGE, M. S.; HERTER, F. G.; PEREIRA, A. D. S.; CARAMORI, P. H.; GONÇALVES, S. L.; BRAGA, H. J.; PANDOLFO, C.; MATZENAUER, R.; CAMARGO, M. B. P.; BRUNINI, O.; STEINMETZ, S.; REISSER JUNIOR, C.; FERREIRA, J. S. A.; SANS, L. M. A. **Caracterização climática das regiões produtoras de batata no Brasil**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2004. 35 p. (Documentos-133).

3. Considerações finais

Diante da ameaça ao cultivo de batata frente ao cenário das mudanças climáticas, o trabalho desenvolvido contribui, através da geração de conhecimento básico acerca do germoplasma que está sendo usado pelo programa de melhoramento da Embrapa, assim como da resposta de cultivares e clones avançados ao estresse hídrico, para o desenvolvimento de germoplasma mais adaptado à essa nova demanda. Como pontos principais a serem considerados destaca-se:

- O trabalho desenvolvido evidenciou uma tendência de estreitamento da base genética que vem sendo usada pelo programa de melhoramento de batata da Embrapa, alertando para o direcionamento de hibridações que venham a ampliar o pool gênico usado pelo programa.
- No trabalho desenvolvido também foi mostrado que a resposta de cultivares e clones avançados de batata ao déficit hídrico são dependentes da época de cultivo. No germoplasma avaliado foi identificado que as cultivares lançadas recentemente pelo programa de melhoramento da Embrapa mostram uma tendência de maior adaptação a condição de déficit hídrico, sendo que dependendo da época de cultivo, primavera ou outono, são distintos os genótipos melhor adaptados.
- Frente aos resultados obtidos nesse trabalho é evidenciada a complexidade de desenvolver cultivares adaptadas ao estresse hídrico, trabalhos nessa linha de pesquisa devem ser intensificados.

Referências Introdução geral

AGRIANUAL 2011: **Anuário da agricultura brasileira**. São Paulo: FNP Consultoria e Comércio, 2011. 482 p.

BRADSHAW, J. E. Potato-Breeding Strategy In: VREUGDENHIL, D. **Potato Biology and Biotechnology Advances and Perspectives**. Amsterdã: Elsevier, 2007, p. 157-177.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620p.

EVERS, D.; LEFÈVRE, I.; LEGAY, S.; LAMOUREUX, D.; HAUSMAN, J. F.; ROSALES, R. O. G.; MARCA, L. R. T.; HOFFMANN, L.; BONIERBALE, M.; SCHAFLEITNER, R. Identification of drought-responsive compounds in potato through a combined transcriptomic and targeted metabolite approach. **Journal of Experimental Botany**, v. 61, p. 2327–2343, 2010.

FAOSTAT. **The agricultural production domain covers**. Disponível em: <<http://www.fao.org/crop/statistics.html>>. Acesso: 20 jul. 2011.

GUERRA, M. P.; NODARI, R. O. Biodiversidade: aspectos biológicos, geográficos, legais e éticos. In: SIMÕES, C. M. O.; SCHENKEL, E.P.; GOSMANN, G.; MELLO, J. C. P.; MENTZ, L. A.; PETROVICK, P. R. **Farmacognosia: da planta ao medicamento**. Porto Alegre/Florianópolis: UFRGS e UFSC, 2001. p.13-26.

HIJMANS, R. J. The effect of climate change on global potato production. **American Journal of Potato Research**, v.80, p.271-280, 2003.

LEGAY, S.; LEFÈVRE, I.; LAMOUREUX, D.; BARREDA, C.; TINCOPA LUZ, R. T.; GUTIERREZ, R.; QUIROZ, R.; HOFFMANN, L.; HAUSMAN, J. F.; BONIERBALE, M.; EVERS, D.; SCHAFLEITNER, R. Carbohydrate metabolism and cell protection mechanisms differentiate drought tolerance and sensitivity in advanced potato clones (*Solanum tuberosum* L.). **Functional & Integrative Genomics**, v.11, p.275–291, 2011.

LOPES, C. A.; SILVA, G.O.; CRUZ, E. M.; ASSAD, E.; PEREIRA, A. D. S. Uma análise do efeito do aquecimento global na produção de batata no Brasil. **Horticultura Brasileira**, v.29, p.7-15, 2011.

QUADROS, D. A. D.; IUNG, M. C.; FERREIRA, S. M. R.; FREITAS, R. J. S. D. Composição química de tubérculos de batata para processamento, cultivados sob diferentes doses e fontes de potássio. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v.29, p.316-323, 2009.

5. VITAE

Angela Rohr, filha de Irineu Antonio Rohr e Ivete Rüdell Rohr, nasceu em 13 de fevereiro de 1988, em Ibirubá, Rio Grande do Sul. Completou o Ensino Fundamental na Escola Municipal de Ensino Fundamental Alfredo Brenner, em Ibirubá - RS e o Ensino Médio na Escola Estadual Dom Pedro I em Quevedos - RS. Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade de Cruz Alta – Unicruz, sendo o trabalho de conclusão de curso intitulado como “Influência de fatores meteorológicos nas características físico-químicas dos grãos de trigo em três locais do Rio Grande do Sul” sob orientação da prof. Dra Tânea M. B. Garlet e do pesquisador Dr. Vanderlei D. Tonon. Durante a graduação realizou estágio no laboratório de Qualidade Industrial de Trigo da Fundacep – CCGL Tec, e trabalhou como auxiliar de pesquisa do Programa de Melhoramento Genético de Trigo da mesma empresa. Desde 2010, é aluna regular do Programa de Pós-graduação em Agronomia na área de concentração em Fitomelhoramento, como bolsista da CAPES. Neste período, participou das atividades de pesquisa do Programa de Melhoramento Genético de batata da Embrapa Clima Temperado, atuando principalmente nas atividades de tolerância à seca e no laboratório de Biologia Molecular, trabalhando na caracterização molecular com marcadores microsatélites, sob orientação da pesquisadora e prof. Dra. Caroline M. Castro e do pesquisador e prof. Dr. Arione da S. Pereira.

6. Apêndice



Vista geral do experimento, primavera / 2010.