



Simpósio de Integração Acadêmica

“Bicentenário da Independência: 200 anos de ciência, tecnologia e inovação no Brasil e 96 anos de contribuição da UFV”

SIA UFV 2022



Estimativas de parâmetros genéticos em população de mapeamento de *Ipomoea trifida*, uma espécie diploide de batata-doce silvestre

Ana Paula Alves da Mata¹, Guilherme da Silva Pereira¹, Iara Gonçalves dos Santos¹

¹Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, ana.mata@ufv.br, g.pereira@ufv.br, iara.santos@ufv.br

Área de conhecimento: Ciências agrárias, Área temática: Genética, Categoria: Pesquisa

Palavras-Chave: Modelo misto, correlação, herdabilidade

Introdução

Batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam] é uma espécie autohexaploide ($2n = 6x = 90$) e por isso estudos genéticos envolvendo o mapeamento de locos de herança quantitativa (QTLs) são muito complexos.

Ipomoea trifida é um dos seus possíveis ancestrais silvestres diploides ($2n = 2x = 30$), cujo genoma tem sido utilizado como referência para estudos genéticos da batata-doce cultivada.

Objetivos

O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para quatro caracteres de produção de uma população de mapeamento de *I. trifida* avaliada em casa-de-vegetação.

Material e Métodos

Foram avaliados 186 genótipos de irmãos-completos originados do cruzamento M9×M19 realizado no Centro Internacional da Batata (CIP). A população foi avaliada em San Ramón, Peru, em 2016 para pesos seco (PSR) e fresco da raiz (PFR), e pesos seco (PSV) e fresco de vinha (PFV), em gramas por parcela.

O experimento foi conduzido em delineamento em blocos completos casualizados, com quatro repetições. Foram estimadas variâncias genotípicas, herdabilidades e correlações a partir das análises de modelos mistos para cada caráter. Todas as análises foram realizadas no software R, com o auxílio do pacote *sommer* v.4.1.6, utilizando o modelo misto abaixo:

$$y_{ij} = \mu + \text{bloco}_j + \text{genótipo}_i + \text{erro}_{ij}$$

Em que: $\text{genótipo}_i \sim N(0, \sigma_g^2)$ e $\text{erro}_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$.

Resultados e Discussão

	PSR	PFR	PSV	PFV
Média (μ)	1,43	4,03	54,04	238,26
Variância genética	2,20***	20,34***	37,18***	497,3***
Herdabilidade	0,75	0,76	0,58	0,63

Tabela 1. Parâmetros genéticos para os caracteres pesos seco (PSR) e fresco da raiz (PFR), peso seco (PSV) e fresco de vinha (PFV) em população de mapeamento de *Ipomoea trifida*. Testes da razão de verossimilhança ($***P < 0,001$) para o componente de variância do genótipo.

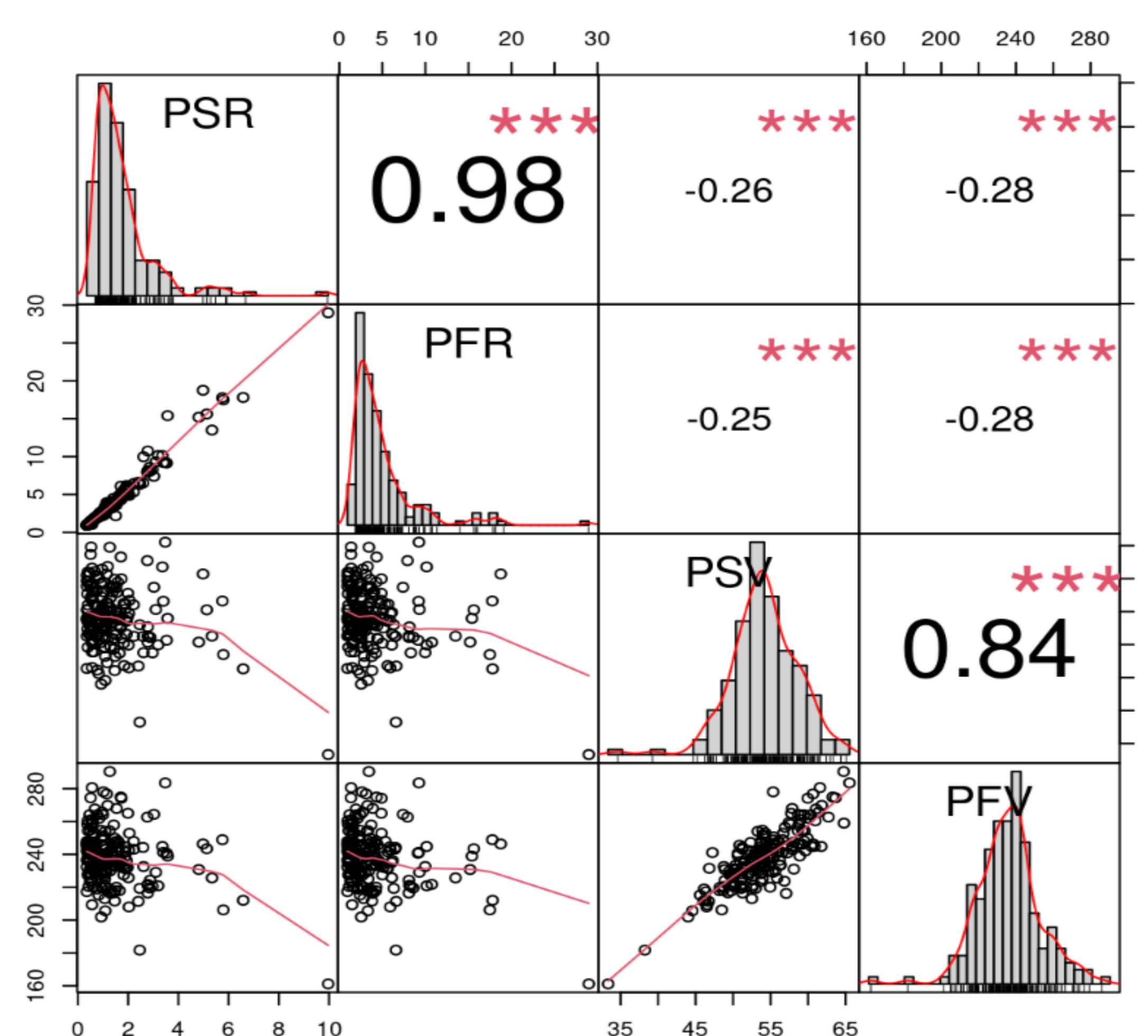


Figura 1. Correlação entre peso seco da raiz (PSR), peso fresco da raiz (PFR), peso seco das vinhas (PSV) e peso fresco das vinhas (PFV). O histograma de cada variável é mostrado na diagonal; acima da diagonal, estão os valores da correlação ($***P < 0,001$); abaixo da diagonal, gráficos de dispersão.

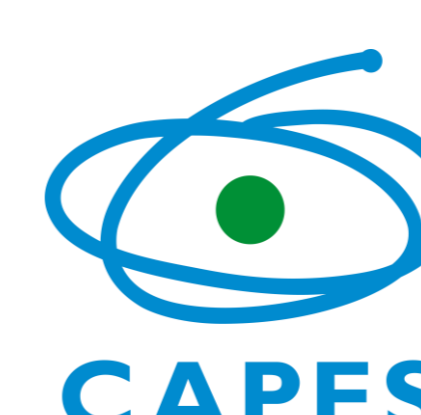
Houve variância genética significativa para todos os caracteres, o que demonstra a viabilidade da população para fins de estudos genéticos. As herdabilidades para os caracteres relacionados a raiz (PSR e PFR) foram maiores do que as herdabilidades dos relacionados às vinhas (PSV e PFV) (Tabela 1). As correlações entre PSR e PFR e entre PSV e PFV foram altas. Por outro lado, verificaram-se correlações negativas moderadas entre caracteres relacionados a raiz e vinhas (Figura 1).

Conclusões

Os parâmetros genéticos obtidos neste estudo demonstram o potencial da população para a utilização em estudos de mapeamento de QTLs.

Agradecimentos

Bolsa:



Financiamento:



BILL & MELINDA GATES foundation