



TIAGO YUKIO INOUE

**VARIABILIDADE CARIOTÍPICA EM ACESSOS DE
BATATA-DOCE (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.,
CONVOLVULACEAE)**

LAVRAS – MG

2022

TIAGO YUKIO INOUE

VARIABILIDADE CARIOTÍPICA EM ACESSOS DE BATATA-DOCE
(*Ipomoea batatas* (L.) Lam., CONVOLVULACEAE)

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas para a obtenção do título de Mestre.

Profª. Giovana Augusta Torres
Orientadora

LAVRAS – MG
2022

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Inoue, Tiago Yukio.

Variabilidade cariotípica em acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam., Convolvulaceae) / Tiago Yukio Inoue. - 2022.
34 p. : il.

Orientador(a): Giovana Augusta Torres.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de Lavras, 2022.

Bibliografia.

1. Citogenética. 2. Cariótipo. 3. *Ipomoea batatas*. I. Torres, Giovana Augusta. II. Título.

TIAGO YUKIO INOUE

**VARIABILIDADE CARIOTÍPICA EM ACESSOS DE BATATA-DOCE
(*Ipomoea batatas* (L.) Lam., CONVULVACEAE)**

**KARYOTYPIC VARIABILITY IN SWEET POTATO ACCESSES (*Ipomoea
batatas* (L.) Lam., CONVULVACEAE)**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de mestre.

APROVADA em 11 de fevereiro de 2022.

Dr^a. Giovana Augusta Torres, UFLA

Dr. Guilherme Tomaz Braz, UNICAMP

Dr^a. Laiane Corsini Rocha, UNIFAL

Profa. Giovana Augusta Torres
Orientadora

**LAVRAS-MG
2022**

AGRADECIMENTOS

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001. Às demais agências de fomento pelo financiamento concedido à realização deste projeto: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG)”,

À Universidade Federal de Lavras (UFLA), ao Departamento de Biologia e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelas oportunidades, suporte e estrutura fornecidas.

A todos os membros do grupo de melhoramento de batata-doce da UFLA coordenado pelo professor Valter, agradeço pela parceria, disponibilização do material de estudo e sobretudo, a atenção.

À professora Giovana agradeço por toda a dedicação, disponibilidade, paciência e amparo. Sou grato pelo conhecimento que me proporcionou em disciplinas, na dissertação e principalmente como pessoa.

Ao técnico de laboratório Felipe, pelo auxílio e dedicação em nos oferecer condições ideais para a execução do trabalho.

À professora Flávia, ex-coordenadora do Programa de Pós-graduação, professor José Airton, atual coordenador do Programa de Pós-graduação e a Lilian, secretária do Programa, por todo o suporte, paciência e delicadeza.

Aos meus amigos do laboratório de Citogenética Alex, Ana Luísa, Ana Gabriella, Bruna, Clara, Isabella, Laiane, Marco Túlio e Yasmim. Desde que entrei, há dois anos me acolheram com carinho e sempre me apoiaram nos projetos e na vida pessoal, com auxílio no laboratório. Não existem palavras para agradecer a vocês. Os conselhos, amizade, auxílio e carinho foram importantes para o projeto e para mim.

Aos meus amigos que Lavras e a pós-graduação me proporcionou, Clara, Léo, Gleice, Lorena, Samuel, Reberth, Pedro, Bia, Fernanda, Iory, Douglas, Andreza, Gabi, Ananda, Lara, Larissa e Nathália. Vocês me deram suporte para passar esses tempos de pandemia e me ensinaram um pouco mais sobre a vida.

À minha Família, principalmente minha mãe, meu pai, meus irmãos Suellen, Renato e Gustavo que mesmo distante, nunca deixaram de me apoiar. Enfim, agradeço a todos que de alguma forma contribuíram diretamente ou indiretamente para a conclusão desse presente trabalho.

Obrigado!

RESUMO

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam., Convolvulaceae) é uma espécie hexaploide ($2n=6x=90$), originada no continente americano, cuja raiz tuberosa é muito apreciada na alimentação humana. Seu cultivo está entre as dez culturas alimentícias mais importantes no mundo, sendo o melhoramento genético essencial para aumento de produtividade e melhoria da qualidade da raiz. Para isso, existe uma ampla variabilidade genética para caracteres de interesse agrônômico que está conservada em Bancos de germoplasma. Considerando a importância da caracterização citogenética desses genótipos, especialmente pelo fato de ser uma espécie hexaploide de reprodução assexuada, o objetivo deste trabalho é caracterizar o cariótipo de acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma do Programa de Melhoramento da Universidade Federal de Lavras. Ramas de quatro acessos (Ligeirinha, UFVJM-61, 1153 e 666) foram coletadas nos campos experimentais do Centro de Desenvolvimento e Transferência de Tecnologia/DAG/ESAL/UFLA e cultivadas para obtenção de raízes. Para o preparo das lâminas foram utilizados meristemas radiculares pré-tratados com 8-hidroxiquinolina 2mM por 4h, a temperatura ambiente e fixado em metanol: ácido acético (3: 1). A parede celular foi submetida a digestão enzimática (Pectinase 100 U: celulase 200U, pH 4,8), por 1h e 20min a 1h e 40min. As lâminas foram preparadas através da técnica de secagem à chama e submetidas à técnica de hibridização *in situ* fluorescente para localização dos locos de rDNA 5S e 35S. As melhores metáfases de cada acesso foram utilizadas para descrição do cariótipo e identificação do número e localização dos dos sítios de rDNA. Três acessos apresentaram 90 cromossomos e o genótipo “1153” apresentou aneuploidia ($2n=6x=90-1$). Foram observados seis sítios de rDNA 5S para todos os acessos, apresentando variação na localização nos cromossomos (proximal e alguns no braço inteiro). Os sítios 35S foram localizados na região terminal dos cromossomos em todos os acessos, mas em números diferentes (12, 14 e 16). A variabilidade cariotípica observada nos quatro acessos de *I. batatas* indica que é essencial ampliar a descrição detalhada do cariótipo dos acessos do banco de germoplasma de batata-doce da UFLA, para orientar a conservação e a escolha de parentais para cruzamentos controlados.

PALAVRAS CHAVES: Cromossomo. Germoplasma. FISH. genes ribossomais. aneuploidia.

ABSTRACT

Sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam., Convolvulaceae) is a hexaploid species ($2n=6x=90$), originated in the American continent, its tuberous root is highly appreciated in human consumption. Its cultivation is among the ten most important food crops in the world and genetic improvement is essential to increase productivity and improve root quality. For this, there is a wide genetic variability for characters of agronomic interest that is maintained in germplasm banks. Considering the importance of cytogenetic characterization of these genotypes, especially because it is an asexually reproducing hexaploid species, the objective of this work is to characterize the karyotype of sweet potato accessions from the Germplasm Bank of the UFLA Breeding Program. Branches from four accessions (Ligeirinha, UFVJM-61, 1153 e 666) were collected in the experimental fields of the Center for Development and Technology Transfer/DAG/ESAL/UFLA and cultivated to obtain roots. Meristems pretreated with 2mM 8-hydroxyquinoline for 4h at room temperature and fixed in methanol:acetic acid (3:1) were used to prepare slides. The cell wall was submitted to enzymatic digestion (100 U pectinase: 200 U cellulase, pH 4.8), for 1h and 20min to 1h and 40min. Slides were prepared using the flame-drying technique and used for fluorescent *in situ* hybridization to locate the 5S and 35S rDNA loci. The best metaphases of each accession were used for karyotype description, determination of number and location of rDNA sites. Three accessions had 90 chromosomes and the "1153" genotype was aneuploidy ($2n=6x=90-1$). Six 5S rDNA sites were observed for all accessions, showing variation in the location in the chromosomes (proximal and some in the entire arm). The 35S sites were located in the terminal region of the chromosomes in all accessions, but in different numbers (12, 14 and 16). The karyotypic variability observed in the four accessions of *Ipomoea batatas* L. indicates that it is essential to expand the detailed description of the karyotype of the accessions from the UFLA sweet potato germplasm bank, to guide conservation and the choice of parents for controlled crosses.

KEYWORDS: Chromosome. Germplasm. FISH. ribosomal genes. aneuploidy.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	9
2 REFERENCIAL TEÓRICO	11
2.1 Importância socioeconômica e melhoramento genético da batata-doce.....	11
2.2 Aspectos botânicos e taxonômicos de <i>Ipomoea</i> L.	13
2.3 Origem e evolução de <i>Ipomoea batatas</i> (L.) Lam.	14
2.4 Citogenética de <i>Ipomoea</i> L.	17
4 MATERIAL E METODOS	20
4.1 Material vegetal	20
4.2 Preparo de lâminas.....	20
4.3 Hibridização <i>in situ</i> fluorescente (FISH).....	21
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	22
5.1. Número de cromossomos e morfologia	22
5.2 Número de sítios de rDNA 35S e 5S	25
5.3. Distribuição e intensidade de locos de rDNA 35S e 5S	27
6. CONCLUSÃO	29
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	30

1 INTRODUÇÃO

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) é a 7ª cultura alimentícia mais importante do mundo, com produção de 91,95 milhões de toneladas/ano (FAO, 2018). Os países em desenvolvimento são responsáveis por grande parte do cultivo, sendo o continente Asiático o maior produtor, com cerca de 80% da produção mundial (CIP, 2020). A China é o maior produtor mundial, com mais de 2,37 milhões de hectares cultivados e produtividade média de 22,3 t ha⁻¹ (FAO, 2018). O Brasil tem 59,79 mil hectares plantados, produção de 847.896 t/ano e produtividade média de 14,25 t ha⁻¹. O estado com maior área cultivada e o segundo maior produtor é o Rio Grande do Sul, com produtividade de 12,1 t ha⁻¹. O estado de Minas Gerais apresenta uma produtividade de 17,82 t ha⁻¹, superior à média nacional e à média do estado do Rio Grande do Sul, apresentando condições edafoclimáticas promissoras para o cultivo. No entanto, é o estado com a oitava maior área cultivada e quarto maior produtor do país (IBGE, 2020).

A raiz da batata-doce é rica em minerais essenciais como potássio, magnésio e cálcio (VIZZOTO et al., 2018) e apresenta vitaminas do complexo B e vitamina A, sendo considerada um alimento nutritivo e funcional (LOW et al., 2007). Sua farinha pode ser utilizada no preparo de alimentos panificados sem glúten (FRANCO et al., 2018) e na elaboração de barras de cereais (BEZERRA et al., 2015) e a fécula na composição de bebidas lácteas (ANDRADE; MARTINS, 2002). Para alimentação animal, são utilizadas a raiz tuberosa e as ramas, consumidas diretamente ou utilizadas na produção de feno (DONATO et al., 2020) e silagem (VALADARES et al., 2019). Podem ser utilizadas na produção de etanol, substituindo a cana-de-açúcar e o milho (MAINO et al., 2019; VIANA et al., 2017) e como planta ornamental (DA SILVA et al., 1995).

A *I. batatas*, pertencente à família Convolvulaceae Juss. (STAPES, 2012), tem como centro de origem a América, apresentando centro de diversidade primário na América Central, secundário na América do Sul (ZHANG et al., 2000) e Oceania (ROULLIER et al., 2013). A batata-doce cultivada é uma espécie hexaploide com 90 cromossomos ($2n=6x=90$) (SRISUWAN et al., 2006), com uma forma tetraploide natural ($2n=4x=60$) que não é utilizada para produção comercial (BOHAC et al. 1993). A origem do hexaploide não é consensual na literatura, sendo consideradas as hipóteses de autopoliploidia e auto-alopoliploidia (MUÑOZ-RODRÍGUEZ et al., 2018) ou aloploidia segmentar (GAO et al., 2020). As espécies consideradas como possíveis ancestrais são *Ipomoea trifida* (HBK) G. Don. diploide ($2n=2x=30$) (SUN et al., 2019) e tetraploide ($2n=4x=60$) (MUÑOZ-RODRÍGUEZ et al., 2018;

SRISUWAN et al., 2006), *I. tenuissima* Choisy ($2n=2x=30$), *I. littoralis* Blume ($2n=4x=60$) (GAO et al., 2020) e *I. tabascanana* J.A. McDonald & D.F. Austin ($2n=4x=60$) (SUN et al., 2019).

Apesar de ser considerada uma espécie estável citogeneticamente, a batata-doce apresenta uma variação grande no número de sítios ribossomais 35S, podendo apresentar 12, 16, 17, 18, 19, 20 e 21, geralmente localizados na região terminal dos cromossomos. Os sítios ribossomais 5S geralmente são bem conservados, mantendo o número de 6 e localização na região proximal dos cromossomos (SRISUWAN et al., 2006; SUN et al., 2019; SU et al., 2020). Já foi relatada aneuploidia em 14 cultivares de *I. batatas* de polpa roxa em bancos de germoplasma da China (com variação de 88, 89, 91 e 92 cromossomos) (SU et al., 2020) e no acesso “NASPOT 5”, que apresentou cariótipo $2n=6x=90-1-1$. A aneuploidia, uma alteração numérica observada em outras culturas propagadas vegetativamente, pode afetar a dosagem gênica e conseqüentemente o fenótipo (WU et al., 2018).

A batata-doce pode ser reproduzida de forma sexuada através de semente (utilizada em programas de melhoramento), apresentando reprodução mista (SILVA, 2008), ou assexuada através do plantio de ramas (mais comum para produção comercial) ou raiz (DA SILVA et al., 1995). O melhoramento da batata-doce tem como objetivo geral a seleção de genótipos mais produtivos, com melhor qualidade nutritiva, resistência a doenças e pragas (E CASTRO et al., 2019) e com maior conservação das características pós-colheita (AZEVEDO et al., 2018). É importante ressaltar o esforço para obtenção de cultivares biofortificadas para alimentação humana (EMBRAPA, 2020). A UFLA (Universidade Federal de Lavras) vem desenvolvendo projetos com o objetivo de selecionar genótipos para diferentes aptidões como: alimentação humana e animal, produção de etanol e múltiplas aptidões (NETO et al., 2011).

A caracterização biológica e agrônômica do germoplasma disponível é essencial para seleção correta de genótipos a serem usados no programa de melhoramento na obtenção de populações segregantes e seleção de indivíduos superiores, bem como para conservação de recursos genéticos. Desta forma, além das caracterizações morfológicas e moleculares, também é fundamental a caracterização citogenética, taxonômica e filogenética (TECHIO et al. 2008). Sendo uma espécie hexaploide que tem capacidade de se reproduzir assexuadamente, existe potencial de manutenção de alterações numéricas e estruturais com impacto para a reprodução sexuada (hibridação).

Considerando a relevância da caracterização citogenética dos genótipos disponíveis para o melhoramento, o objetivo deste trabalho foi descrever e comparar o cariótipo de acessos do Banco de germoplasma de batata-doce da UFLA.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância socioeconômica e melhoramento genético da batata-doce

A batata doce é a sétima cultura alimentícia mais importante do mundo, com área cultivada de 8,06 milhões de hectares e produção de 91,95 milhões de toneladas por ano (FAO, 2018). Seu cultivo é realizado principalmente em países em desenvolvimento, sendo o continente Asiático seu maior produtor, com cerca de 80% da produção mundial, seguido da África com cerca de 15% e os outros 5% em vários países (CIP, 2020). A China é o maior produtor mundial com mais de 2,38 milhões de hectares cultivadas, produção de 53,25 milhões de toneladas por ano e com produtividade média de 22,3 t ha⁻¹ (FAO, 2018).

No Brasil, é cultivada em 59.790 hectares, com uma produção total de 847.896 t/ano, produtividade de 14,25 t ha⁻¹ e com rendimento bruto de 1.010.317 mil reais. As áreas de cultivo estão concentradas nas regiões Nordeste, Sul e Sudeste. O estado do Rio Grande do Sul é o segundo maior produtor do país (133.605 t/ano), com a maior área plantada (11.296 hectares) e a maior receita bruta (171.313 mil reais/ano) e produtividade de 12,1 t ha⁻¹. O estado de Minas Gerais é o oitavo em área plantada (3.825 hectares), quarto em produção total (68.142 t/ano), e quarto de maior receita (83.411 mil reais/ano) e produtividade de 17,82 t/ha⁻¹. O estado do Mato Grosso apresenta a maior produtividade do país, com 25,22 t ha⁻¹ (IBGE, 2020). A batata-doce no Brasil teve uma variação de preço 1,40 a 9,54 R\$/Kg em mercados atacadistas durante o ano de 2021 (PROHORT, 2021).

A batata-doce pode ser utilizada para alimentação humana, animal, produção de etanol (NETO et al., 2011) e como planta ornamental (DA SILVA et al., 1995). É uma raiz rica em minerais essenciais para prevenção de doenças como potássio, magnésio e cálcio (VIZZOTO et al., 2018), apresenta vitaminas do complexo B e vitamina A, sendo considerada um alimento nutritivo e funcional (LOW et al., 2007). Sua farinha pode ser utilizada na confecção de alimentos panificados sem glúten, como bolos e pães (FRANCO et al., 2018) e na elaboração de barras de cereais, apresentando resultados sensoriais satisfatórios (BEZERRA et al., 2015). A fécula da batata-doce tem potencial para ser utilizada em bebidas lácteas (ANDRADE; MARTINS, 2002). Para alimentação animal, são utilizadas a raiz tuberosa e as ramas, consumidas diretamente ou utilizadas na produção de feno (DONATO et al., 2020) e silagem (VALADARES et al., 2019). Por serem ricas em carboidratos, as raízes também podem ser utilizadas na produção de etanol, substituindo a cana-de-açúcar e o milho (MAINO et al., 2019; VIANA et al., 2017).

O melhoramento genético de batata-doce tem como objetivo geral a seleção de genótipos com melhor qualidade nutritiva, resistência a doenças e pragas (E CASTRO et al., 2019), tolerância a herbicidas (SANTOS et al., 2018; DOS SANTOS et al., 2018) e com maior conservação das características pós-colheita (AZEVEDO et al., 2018). Dependendo da finalidade de uso, a seleção tem como objetivos outros caracteres fenotípicos, como maior produção de raízes de qualidade (maior densidade), características que interferem no valor nutritivo para alimentação humana, maior produção de ramas com maior qualidade bromatológica e nutricional para alimentação animal (DOS SANTOS et al., 2019), maior teor de matéria seca e produção de biomassa visando a produção de biocombustível (AZEVEDO et al., 2015). Alguns genótipos melhorados para produção de etanol têm apresentado produção de ácido elágico em suas folhas, substância importante na indústria farmacêutica, podendo gerar renda extra para os produtores (SOARES et al., 2014). É importante ressaltar que atualmente pesquisas vem sendo desenvolvidas na obtenção de cultivares biofortificadas para alimentação humana, no intuito de maior teor de betacaroteno (EMBRAPA, 2020). A UFLA (Universidade Federal de Lavras), vem melhorando acessos de batata-doce para várias aptidões, tais como alimentação humana e animal, produção de etanol e alguns apresentam múltiplas aptidões (NETO et al., 2011).

A variabilidade genética do gênero tem sido diminuída tanto pela mudança de hábito alimentar e surgimento de novas alternativas de consumo que levam à perda de genótipos tradicionais de batata-doce que eram mantidos por agricultores, quanto pela ação antrópica, mudanças climáticas e introdução de culturas exóticas que colocam espécies silvestres em risco (SANTOS; SALOMÃO, 2019). Essa situação torna mais necessária a coleta e manutenção adequada de germoplasma. Neste sentido, esforços vêm sendo realizados por instituições internacionais e por alguns programas nacionais, com o objetivo de diminuir a erosão genética e disponibilizar materiais para o melhoramento e produção (RITSCHER et al., 2010). Além disso, a batata-doce foi considerada uma espécie cultivada importante para a alimentação humana, sendo inserida no ANEXO I do Tratado Internacional sobre Recursos Fitogenéticos para a Alimentação e a Agricultura (TIRFAAA), reforçando os incentivos a conservação de *I. batatas* e parentais silvestres (SANTOS; SALOMÃO, 2019).

A conservação de *Ipomoea* spp. pode ser realizada *in situ* (no seu local de origem) ou *ex situ* (fora do local de origem, como exemplo em bancos de germoplasma). Em caso de *ex situ*, pode ser conservada *in vivo* (através do cultivo convencional da espécie), *in vitro* (através de cultura de tecidos) e através de sementes botânicas ou criopreservação. A técnica adequada de conservação vai depender de alguns fatores, tais como questões fitossanitárias, tamanho da

demanda, frequência da demanda. Para atender demanda local do material na ausência de problemas fitossanitários, a conservação *in vivo* é indicada, combinações únicas de genes livres que codificam resistência a doenças. Quando a demanda para intercâmbio é alta ou existe susceptibilidade a doenças, a conservação *in vitro* é mais adequada. Para preservação de pool gênico por longos períodos, a conservação através de sementes botânicas ou criopreservação é mais adequada (RITSCHER et al., 2010; SANTOS; SALOMÃO, 2019).

2.2 Aspectos botânicos e taxonômicos de *Ipomoea* L.

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) pertence à família Convolvulaceae Juss., tribo Ipomoeae e gênero *Ipomoea* (STAPLES, 2012). A família Convolvulaceae compreende cerca de 60 gêneros e aproximadamente 1.850 espécies. É composta por ervas que podem apresentar hábito trepador ou de lianas sem gavinha, subarbustos, raramente holoparasitas ou árvores. Tem como principal característica sua corola gamopétala (STAPLES, 2012).

A tribo Ipomoeae é composta por 750 espécies distribuídas em 9 gêneros, apresentando indivíduos escaladores herbáceos a arborizados, ervas perenes ou raramente anuais, arbustos e árvores. Suas folhas podem ser simples, compostas ou palmatórias, geralmente cordadas na base. As inflorescências são cachos (cimeras) e as sépalas geralmente não são crescentes. O pólen é pantoporado e apresenta espinhos (VASCONCELOS et al., 2015). O ovário tem 2 ou 4 células ou raramente 3 células. A fruta é uma cápsula com 4 válvulas, a cor da casca é amadeirada ou semelhante a couro e com um mesocarpo levemente carnudo (STAPLES, 2012). O gênero *Ipomoea* apresenta cerca de 700 espécies, apresentando maior diversidade de espécies entre os gêneros da tribo (STAPLES, 2012).

Dentre essas espécies, a batata-doce (*I. batatas*) apresenta raízes tuberosas de elevada importância econômica. Seu sistema radicular é bastante desenvolvido, podendo atingir 1,60m de profundidade. As raízes tuberosas se originam nos entrenós que se enraizaram no solo. A tuberização está associada ao acúmulo de amido e açúcares principalmente no tecido parenquimatoso oriundo do câmbio primário, mantendo-se sempre ativo. A raiz tuberosa é composta de periderme (casca, película externa e pele), córtex (casca interna) e polpa. A periderme pode ter cor branca, creme, amarelada, rosada, avermelhada, cobre alaranjada, salmão, púrpura ou roxa, ou apresentar cores intermediárias a estas (FOLQUER, 1978). A polpa pode apresentar cores branca, creme, amarelo-claro, laranja ou roxa, ou cores intermediárias (DA SILVA et al., 1995).

O caule possui hábito de crescimento rasteiro, em alguns casos trepador ou ereto do tipo moita, tem comprimento variável, podendo atingir 8m, de consistência herbácea, pubescente ou

glabras, de coloração variável e contem vasos lactíferos. O comprimento dos entrenós é bastante influenciado pelo ambiente, tendo tamanhos variados mesmo em uma mesma rama. As folhas são simples, alternas, dispostas em espiral em torno do caule, pubescente ou glabras. O pecíolo é longo, de cor e pubescência semelhante ao caule. O limbo foliar, inclusive as nervuras, é de coloração variável, bem como suas formas, podendo ser cordiforme, cordiforme-arredondada, sagitada, hastada, lobada, fendida ou partida. Os bordos podem ser inteiros, dentados, lobados ou partidos. O tamanho do limbo foliar e do pecíolo variam conforme a cultivar e condições ambientais, apresentando tamanhos maiores em períodos mais quentes do ano (FOLQUER, 1978; STEINBAUER; KUSHAMAN, 1971).

As inflorescências são cachos (cimeras) nas axilas das folhas, apresentando variação de tamanho, formato e cor. As flores são perfeitas, com corola gamopétala, com pétalas unidas em forma de funil, apresentando coloração variável entre branco e tonalidades de roxo, dependendo da cultivar. O cálice é formado por cinco sépalas, duas exteriores e três inferiores oblongas, persistentes, glabras ou pubescentes, de cor verde-clara a verde-escuro, às vezes com manchas avermelhadas. O androceu possui cinco estames desiguais, com os filamentos aderidos na base da corola e situados em volta do pistilo. As anteras são usualmente brancas, amarelas ou ligeiramente púrpuras, com deiscência longitudinal, e altura (posição) variável em relação ao estigma, em função do comprimento do filamento (filete). O estigma é bilobado, geralmente branco a violáceo. O pistilo tem dois ovários súperos, cada um contendo dois óvulos (JONES, 1980). As flores possuem uma glândula amarela bem desenvolvida, contendo néctar que atrai insetos (MARTIN; JONES, 1972).

O fruto é uma cápsula arredondada, seca, bilocular, com diâmetro variável de 3 a 7mm, glabro ou pubescente, com um apículo (terminal) deiscente. Os frutos imaturos são característicos de cada cultivar, apresentando cor variável desde verde claro até púrpuro-escuro, e quando secos são de cor marrom-claro a escuro. Cada fruto pode conter até quatro sementes (JONES, 1980).

As sementes de batata-doce são pequenas, medindo de 2 a 4mm de diâmetro. Sua coloração varia entre marrom escuro e preto. Apresentam dormência, são duras e não absorvem água, mecanismo comum em espécies de *Ipomoea* spp. (MELO, 2020). O peso médio de 100 sementes é de 2g, variando conforme o progenitor entre 1,3 a 3,0g (JONES; DUKES, 1976).

2.3 Origem e evolução de *Ipomoea batatas* (L.) Lam.

O exato centro de origem da batata-doce (*I. batatas*) ainda é desconhecido, mas existem muitas evidências que indicam a América Central e do Sul como possível centro de origem

(RODRIGUEZ et. al, 2017). O material mais antigo coletado de batata-doce é de cerca de 8.000 a. C. (período Neolítico) e foi encontrado em três cavernas no cânion do Chica, localizado na região centro-sul do Peru (ENGEL, 1970). Após análise do material, foi confirmado que se tratava de *I. batatas* através de estudos com os grãos de amido, mesmo esses sendo menores que o das cultivares atuais. Essa diferença de tamanho foi atribuída ao processo de domesticação da espécie (PERRY, 2002).

No entanto, pesquisadores acreditavam que a batata-doce teria sido originada apenas na América Central, pois as populações dessa região apresentavam um alto grau de variabilidade genética. Estudos realizados com marcadores AFLP por Zhang et al. (2000) com a coleção de batata-doce do CIP “Centro Internacional de la Papa” revelou que acessos oriundos da América Central apresentavam maior grau de diversidade quando comparados com os do Peru-Ecuador, indicando a América Central como centro primário de diversidade e possível centro de origem e o Peru-Ecuador como centro secundário de diversidade.

Templar et al. (2003) analisaram 74 acessos de batata-doce provenientes de diferentes centros primários e secundários de diversidade utilizando marcadores RAPD. Esses resultados corroboraram a hipótese de que a América Central seja o centro de origem e indicaram que genes de acessos da América do Sul também estariam presentes e envolvidos na origem da batata-doce. Trabalho realizado por Roullier et al. (2011), com haplótipos de cloroplasto e DNA nuclear, utilizando marcadores de microssatélites (SSR), indicam diferenças entre populações geograficamente distintas, associando o haplótipo 1 e núcleo do grupo k1 com a América do Sul e o haplótipo 2 e núcleo do grupo k2 com a América Central. Foi sugerido que a batata-doce tenha evoluído através da domesticação de dois centros de origens (domesticação independente), um em populações da América Central (incluindo Caribe) e outro na América do Sul (Venezuela, Colômbia, Equador e Peru) e que em algum momento ocorreu fluxo gênico entre essas populações de pools gênicos diferentes. Dessa forma, os dois grupos nucleares são observados em regiões diferentes do continente, no entanto o cloroplasto foi conservado por região, por ser um genoma com herança materna citoplasmática. Esses eventos combinados com fluxo gênico entre genótipos cultivados e selvagens, troca social de clones, mutações somáticas e recombinação local contribuíram para moldar o grande número de raças locais registradas nas Américas (Roullier et al., 2013).

As espécies que compõem o gênero *Ipomoea* sp. são diferenciadas em três grupos (A, B e X), com base em seu modo de reprodução e número de cromossomos (JONES; DEONIER, 1965). As espécies do grupo A são diploides ($2n=2x=30$), autocompatíveis, conseguem cruzar entre si e com as espécies do grupo X. O grupo B tem diferentes ploidias (diploide, tetraploide

e hexaploide), autoincompatibilidade e as espécies não conseguem cruzar com as espécies do grupo A e X, porém conseguem cruzar entre si. O grupo X é composto por espécies tetraploides ($2n=4x=60$), são autoincompatíveis, conseguem cruzar entre as espécies do mesmo grupo e do grupo A (NISHIYAMA et al., 1975).

O grupo B é composto pelas espécies *I. batatas* ($2n=6x=90$), *I. trifida* (HBK) G. Don. ($2n=2x=30$ e $2n=4x=60$), *I. littoralis* Blume ($2n=4x=60$) e *I. leucantha* Lacq. ($2n=2x=30$). Cruzamentos interespecíficos entre *I. batatas* e as demais espécies do grupo com ploidia natural e variações artificiais (tetraploide e hexaploide) foram realizados com sucesso formando sementes viáveis, exceto com *I. leucantha* ($2n=2x=30$). O resultado do hexaploide artificial de *I. trifida* ($2n=6x=90$) apresentou as características das raízes mais próximas às da batata-doce (NISHIYAMA et al., 1975).

As hipóteses sobre os ancestrais e o processo de poliploidização de *I. batatas* ainda geram conflitos entre os pesquisadores. Muñoz-Rodríguez et al. (2018) sugerem que a batata-doce foi originada de *I. trifida*, passando por dois processos de poliplodização (auto e auto-alopoliploide), formando 2 pools gênicos cloroplastidiais distintos. Gao et al. (2020) propõem que *I. trifida*, *I. tenuissima* Choisy e *I. littoralis* são os ancestrais envolvidos no processo de especiação que levou à formação de um alopoliplode segmentar.

Muñoz-Rodríguez et al. (2018) analisaram SNPs através de dados genômicos nucleares e cloroplastidiais de 199 espécies pertencentes ao gênero *Ipomoea*. Entre acessos de *I. batatas* o genoma nuclear foi similar, enquanto para o cloroplastidial foi verificada a existência de dois pools gênicos, sugerindo a existência de 2 linhagens distintas (CL1 e CL2). A linhagem 2 (CL2) está mais relacionada com *I. trifida* e a linhagem 1 (CL1) é um grupo irmão da linhagem 2. Com esses dados foram elaboradas algumas hipóteses referentes à especiação, sugerindo que a batata-doce se originou de autopoliploidização e auto-alopoliploidização. A autopoliploidia teria ocorrido a partir do cruzamento de *I. trifida* ($2x$) x *I. trifida* ($4x$), resultando em um triploide ($3x$), que após a duplicação de seu genoma, formou a *I. batatas* ($6x$) (CL1). Após a diferenciação das espécies, teria ocorrido um novo cruzamento entre *I. batatas* ($6x$) (parental paterno, CL1) x *I. trifida* ($2x$) (parental materno, CL2). Esse alotetraploide ($4x$) teria cruzado novamente com *I. trifida* ($2x$) (parental materno, CL2). A duplicação genômica desse triploide ($3x$) deu origem ao hexaploide ($6x$) (CL2), que passou por múltiplos retrocruzamentos naturais com *I. batatas* ($6x$) (paternal paterno, CL1). Esses cruzamentos sucessivos tornaram o genoma nuclear similar, porém com cloroplasto herdado diretamente de *I. trifida* (CL2). Outra hipótese sugerida na formação da *I. batatas* (CL2) é a ocorrência de cruzamento assimétrico, onde o genoma nuclear teria sido fornecido por um gameta masculino não reduzido de um indivíduo

hexaplóide de batata-doce, enquanto o cloroplasto teria sido herdado de um *I. trifida* (2x) do progenitor materno, desta forma não ocorrendo novamente eventos sucessivos de poliplodização.

Gao et al. (2020) realizou estudos transcriptômicos e filogenéticos utilizando 811 cDNA de cópia única altamente conservados “Conserved Ortholog Set II” e observaram a presença de três subgenomas na batata-doce. Segundo os autores, os resultados indicam que *I. batatas* (2n=6x=90) surgiu do cruzamento de *I. trifida* diploide (2n=2x=30) (Bs 2 Bs 2) e um híbrido interespecífico tetraploide (2n=4x=60) de (*I. tenuissima* (Bs 2’ Bs 2’) x *I. littoralis* (Bs 1’ Bs 1’)). Essas três espécies têm um ancestral em comum e por isso apresentam genomas muito semelhantes (homeólogos), podendo formar multivalentes na forma hexavalente na meiose (MAGOON et al., 1970). Os autores sugerem que o genoma de *I. batatas* (2n=6x=90) é constituído por Bs 2 Bs 2 Bs 2’ Bs 2’ Bs 1’ Bs 1’ e é um aloploiploide segmentar.

Apesar das divergências na literatura, pode-se afirmar que é consensual que *I. batatas* é originária do continente Americano (Zhang et al., 2000; Templar et al., 2003) e que *I. trifida* diploide é um ancestral da batata-doce (Muñoz-Rodríguez et al., 2018; Gao et al., 2020; SRISUWAN et al., 2006; SUN et al., 2019).

2.4 Citogenética de *Ipomoea* L.

O gênero *Ipomoea* tem número básico x=15 cromossomos e espécies com ploidias diferentes: diploides, tetraploides e hexaploides. Seus cromossomos são pequenos e médios (variando entre 1,0 – 4,0 µm) (RANE et al., 2012) e geralmente metacêntricos ou submetacêntricos (SAMPATHKUMAR, 1979). A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) é um hexaploide com 90 cromossomos (2n=6x=90) (GAO et al., 2020; YANG et al., 2016), porém também existe a forma tetraploide com 60 cromossomos (2n=4x=60), que não é utilizada para produção comercial (BOHAC et al. 1993).

Estudos meióticos de *I. batatas* com 28 células revelaram a maior ocorrência de associações cromossômicas bivalentes (variando de 21 a 45 por célula), seguidas de associações multivalentes (tetraivalentes), variando entre 1 a 9 por célula, e ocorrência rara de univalentes e multivalentes (trivalentes, hexavalentes e pentavalentes). O estudo sugeriu a existência de três genomas parentais parcialmente homólogos, sendo dois deles com maior homologia quando comparado ao terceiro. Também foram observadas no paquíteno duas alterações cromossômicas estruturais, uma translocação e uma inversão (MAGOON et al., 1970).

I. batatas apresenta diferentes porcentagens de viabilidade polínica dependendo do teste utilizado. Com uso de carmim acético 1% a viabilidade foi superior a 85%, com identificação

de resultados falso positivos. Com uso de Cloreto de 2,3,5-Trifenil Tetrazólio (TTC) a viabilidade foi em torno de 40%. Também foi observado que o grão de pólen mantém sua viabilidade por pelo menos 12h (SILVA, 2008).

Algumas espécies pertencentes ao gênero *Ipomoea* apresentam produção de gametas não reduzidos (2n). Em populações silvestres de *I. trifida* diploide, oriundas da América Central e do Sul, foi observado em 20% das populações estudadas a ocorrência com frequência diferente (0 a 20%) de grãos de pólen não reduzido (2n), com diâmetro 30% maior do que o grão de pólen normal (n) (ORJEDA et al., 1990). Foi relatada também a ocorrência de grão de pólen não reduzido (2n) em *I. batatas* tetraploide. Esse grão de pólen não reduzido apresentou um diâmetro 30% maior do que um grão de pólen normal (n) e durante a anáfase II foi observada a formação de fuso anormal (fuso fundido em apenas um polo) (BECERRA LOPEZ-LAVALLE; ORJEDA, 2002).

A comparação entre *I. batatas* e *I. trifida* com relação ao padrão de bandas CMA, número e distribuição dos genes ribossomais 35S e 5S localizados por hibridização *in situ* fluorescente (FISH) sugere que *I. trifida* (2n=2x=30) e (2n=4x=60) sejam um dos progenitores da batata-doce. Foi observada no bandeamento CMA a marcação de um cromossomo não homólogo de *I. trifida* (2n=2x=30) e (2n=4x=60). O mesmo padrão foi observado em duas variedades de *I. batatas*, indicando que existe pelo menos um genoma compartilhado entre as espécies. Os locos de 5S foram proporcionais à ploidia da espécie, com 2, 4 e 6 marcações, para as espécies diploide, tetraploide e hexaploides, respectivamente. No entanto, para o loco 18S foram observadas 6 e 10 marcas para os diploides e tetraploides, respectivamente, e os hexaploides tiveram 10, 12 e 18 sinais. Em todos os acessos de *I. batatas* o rDNA 18S foi localizado na extremidade distal do braço curto do cromossomo, na constrição secundária (SRISUWAN et al., 2006).

O cariótipo detalhado de seis espécies de *Ipomoea sp* foi descrito utilizando localização por FISH dos genes de rDNA 35S e 5S e de duas sequências de DNA satélite (Itf_1 e Itf_2) extraídas de *I. trifida* diploide. O padrão de marcas observado indica que *I. trifida* e *I. tabascana* sejam possíveis ancestrais de *I. batatas*. Os resultados sugerem também que a espécie mais antiga do gênero dentro do grupo monofilético de *Ipomoea* seja *I. splendor-sylvae* House (2n=2x=30). Os autores propõem que seu cariótipo possa ser o mais semelhante ao ancestral de batata-doce (SUN et al. 2019; MUÑOZ-RODRÍGUEZ et al., 2018).

Su et al. (2020), ao analisarem 76 cultivares de batata-doce de polpa roxa do banco de germoplasma do Institute of Sweet potato, Chinese Academy of Agricultural Sciences e Institute of Agricultural Sciences of Quanzhou, utilizando a técnica FISH com sondas de rDNA

35S e 5S, relataram a ocorrência de aneuploidia em 14 cultivares (variando de 88, 89, 91 e 92 cromossomos), variação no número de locos 35S (16 a 21 sítios) e estabilidade do locos 5S apresentando 6 sítios (apenas duas cultivares apresentaram 5 ou 7 sítios). Esses dados indicam que algumas cultivares hexaploides de *I. batatas* de polpa roxa apresentam instabilidade cariotípica, que pode ter reflexo na estabilidade genética.

Ipomoea nil (L.) Roth é uma espécie diploide ($2n=2x=30$), apresentando 8 cromossomos submetacêntricos, 20 metacêntricos e 2 telocêntricos e considerada uma espécie modelo do gênero (CHEN et al., 2020). A partir do sequenciamento do genoma e montagem dos 15 pseudocromossomos (HOSHINO et al., 2016) foram desenhadas quatro sondas de oligonucleotídeos e localizadas pela técnica de FISH juntamente com sondas de rDNA 35S e 5S. Com o padrão de marcas obtido foi possível identificar todos os pares cromossômicos sem ambiguidade. Este trabalho inédito para o gênero contribui para a elucidação da evolução cariotípica no gênero *Ipomoea*, visto que as espécies do gênero apresentam cromossomos pequenos, numerosos e com morfologia similar. A utilização de um maior número de sondas, em adição às de rDNA, aumentou a resolução da análise e subsidiou o entendimento da contribuição de cada ancestral na formação do genoma das espécies relacionadas (CHEN et al., 2020).

Existem ainda informações citogenéticas para outras espécies do gênero, tais como *Ipomoea pes-caprae*, *I. aquatica*, *I. carnea*, *I. herderifolia*, *I. quamoclit*, *I. triloba*, *I. turbinata*, *I. violacea*. São espécies diploide ($2n=2x=30$) e com cromossomos metacêntricos e submetacêntricos, com tamanho variando de 1,25 a 4,79 μm e com cariótipos assimétricos (RANE et al., 2012).

4 MATERIAL E METODOS

4.1 Material vegetal

Foram avaliados quatro acessos de *Ipomoea batatas* (L.) Lam. (Tabela 1) cedidos pelo banco de germoplasma de batata-doce no Centro de Desenvolvimento e Transferência de Tecnologia (CDTT) do Departamento de Agricultura (DAG) (Coordenadas: latitude: 21°22'700'' S e longitude: 44°97'376'' W) da Universidade Federal de Lavras (UFLA).

Tabela 1. Acessos de *Ipomoea batatas* (L.) Lam. do banco de germoplasma da Universidade Federal de Lavras “UFLA”.

Genótipo	Origem	Uso	Cor de polpa
Ligeirinha	Cultivar obtido com produtores em Itutinga-MG	Comercial/ Cultivar	Creme
UFVJM-61	Banco de Germoplasma do Vale do Jequitinhonha-MG	Comercial/ Cultivar	Creme
666	Seleção Recorrente (C1) do parental materno “31” no ano de 2018	Melhoramento genético	Creme
1153	Seleção Recorrente (C2) do parental materno “Uruguaiana” no ano de 2020	Melhoramento genético	Roxa

Legenda: Identificação do genótipo, origem do material, uso e coloração da polpa.

Fonte: Do autor (2022).

Plantas obtidas por estaquia do material experimental de batata-doce cultivado no CDTT/DAG/UFLA foram mantidas em casa de vegetação (DBI/UFLA) para coleta de material biológico. Raízes jovens foram coletadas em ramas enraizadas em água. As análises citogenéticas foram realizadas no Laboratório de Citogenética Vegetal (DBI/UFLA).

4.2 Preparo de lâminas

As lâminas foram preparadas a partir do meristema radicular coletado periodicamente dos acessos descritos, com o objetivo de obter células mitóticas em metáfase. As regiões apicais das raízes foram tratadas em solução de 8-hidroxiquinolina 2mM à temperatura ambiente por 4h. As pontas das raízes tratadas foram submetidas ao processo de lavagem em água destilada (dH₂O) 2x por 5min. Posteriormente, foram fixadas em solução metanol: ácido acético (3: 1, v / v) por 24h e armazenadas a - 20 ° C em solução de etanol 90%. As pontas das raízes fixadas foram lavadas em dH₂O 3x por 5min e submetidas ao tratamento enzimático (100 U pectinase:

200 U celulase) a 37 ° C de 1h e 20min à 1h e 40 min (dependendo da espessura da raiz). As pontas das raízes digeridas foram lavadas em dH₂O 3x por 5 min e fixadas em solução etanol: ácido acético (3: 1, v / v) por 24h e armazenadas a - 20 ° C, após esses processos as raízes foram maceradas em lâminas de vidro em fixador (2 etanol: 1 ácido acético v / v) com pinça de ponta fina e depois “secas à chama” sobre uma chama de álcool (DONG, 2000).

4.3 Hibridização *in situ* fluorescente (FISH)

A obtenção das sondas de rDNA 18S foi obtida via reação de PCR “Polymerase Chain Reaction” utilizando os primers NS1 (5’- 35 GTA GTC ATA TGC TTG TCT C-3’) e NS4 (5’- CTT CCG TCA ATT CCT TTA AG3’) para amplificar o gene ribossomal 35S a partir do genoma de *Oryza sativa* L. (White et al., 1990). Os produtos de PCR foram marcados por nick translation (Roche Biochemicals®, UK) com biotina-14-dATP (Roche Biochemicals®, UK). A sonda de rDNA 5S foi marcada com (Roche Biochemicals®, UK) digoxigenina-11-dUTP via reação de PCR com primers específicos RICRGAC1 (5’- GAT CCC ATC AGA ACTC CAA G-3’) e RICRGAC2 (5’ -CGG TGC TTT AGT GCT GGT ATG-3’, a partir do genoma de *O. sativa* L. (DOLEŽELOVÁ et al., 1998).

A hibridização *in situ* fluorescente (FISH) foi feita segundo Masoudi-Nejad et al. (2002), com modificações. Os experimentos de FISH foram realizados com sondas de rDNA 18S (representando uma parte do gene ribossomal 35S) e 5S. As lâminas foram pré-fixadas com formaldeído 4% em SSC2x por 13 min, submetidas três vezes à solução SSC2x por 5min. Essas lâminas foram desidratadas em etanol 70%, 90% e 100% por 2min a temperatura ambiente. A mistura de hibridização (50% formamida, 2 x SSC, 20% de sulfato de dextran, 2,5% de dH₂O e aproximadamente 40ng/μL de sondas 18S e 5S) foi desnaturada juntamente com os cromossomos da lâmina, a 80 °C, por 3min. Após a desnaturação as lâminas foram mantidas em câmara úmida por 17 a 48h, a 37 °C para o processo de hibridização. As lavagens pós-hibridização foram feitas sob agitação, em SSC 2x por 5min em temperatura ambiente, seguida de SSC 2x a 42° C por 10min e uma terceira lavagem em SSC 2x por 5min em temperatura ambiente. A detecção das sondas foi realizada com anti-digoxigenina conjugada com rodamina e anti-biotina conjugada com fluoresceína, em tampão TNB 1x por 1h a 37 °C, em câmara úmida, e posteriormente desidratadas em etanol 70%, 90% e 100% por 2min a temperatura ambiente. A montagem das lâminas foi em meio Vectashield contendo DAPI.

A avaliação foi feita em microscópio Olympus BX60 equipado com sistema de epifluorescência e câmera digital refrigerada, utilizando filtros específicos para DAPI (Excitação: 330-385 nm; Emissão: 420 nm), FITC (Excitação: 490 nm; Emissão: 525 nm) e

Rodamina (Excitação: 400-410 nm; Emissão: 455 nm). As imagens foram processadas em software de edição de imagem (Photoshop).

Para determinação do número cromossômico, número e localização dos locos de rDNA 5S e 35S foram selecionadas as metáfases com cromossomos bem distribuídos e sinais de FISH distinguíveis, sendo 11 metáfases na cultivar Ligeirinha e 4 metáfases nos genótipos UFVJM-61, 666 e 1153.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Número de cromossomos e morfologia

Entre os quatro acessos de batata-doce, o número cromossômico de três acessos (Ligeirinha, UFVJM-61 e 666) foi 90 e de um acesso (1153) foi 89 (Tabela 2; Figura 1). A ocorrência de aneuploidia em *I. batatas* já foi relatada (WU et al., 2018; SU et al., 2020). O fato desta alteração cromossômica numérica ser tolerada e acontecer com certa frequência na espécie pode estar associado ao fato de ser um hexaploide e de ser propagado por estaquia (reprodução assexuada) (WU et al. 2018). Em estudos genômicos de batata-doce foi observada uma diferença na profundidade de leitura nos cromossomos 8 e 11 (menor profundidade) do genótipo “NASPOT 5” e, através da contagem do número cromossômico em metáfases deste material, foi relatada aneuploidia monossômica dupla ($2n= 6x= 90-1-1$) (WU et al., 2018). De 76 cultivares de batata-doce de polpa roxa avaliadas, 14 apresentaram aneuploidia, com números cromossômicos 88, 89, 91 e 92 (SU et al., 2018). Dentre os quatro acessos avaliados neste trabalho apenas o de polpa roxa apresentou aneuploidia (1153) ($2n= 6x= 90-1$), indicando que essa instabilidade genética pode estar associada à coloração da polpa.

Devido à heterogeneidade do padrão de condensação dos cromossomos e impossibilidade de identificar a posição dos centrômeros, como já relatado por Srisuwan et al. (2006), não foi possível obter as medidas para caracterização da morfologia cromossômica. Nas metáfases em que a posição do centrômero estava evidente (Figura 1-4a) foi possível observar, que os cromossomos são metacêntricos e submetacêntricos, como previamente relatado (SAMPATHKUMAR, 1979; SRISUWAN et al., 2006; RANE et al., 2012).

Tabela 2. Número cromossômico (2n) e padrão de sinais de localização dos locos de rDNA 5S e 35S em quatro acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.).

Acesso	2n	Número de sinais 18S	Número de sinais 5S
Ligeirinha	90	16 (2G, 6M, 8P)	6
UFVJM-61	90	12 (4M, 8P)	6
666	90	14 (2G, 2M, 10P)	6
1153	89	16 (2G, 8M, 6P)	6

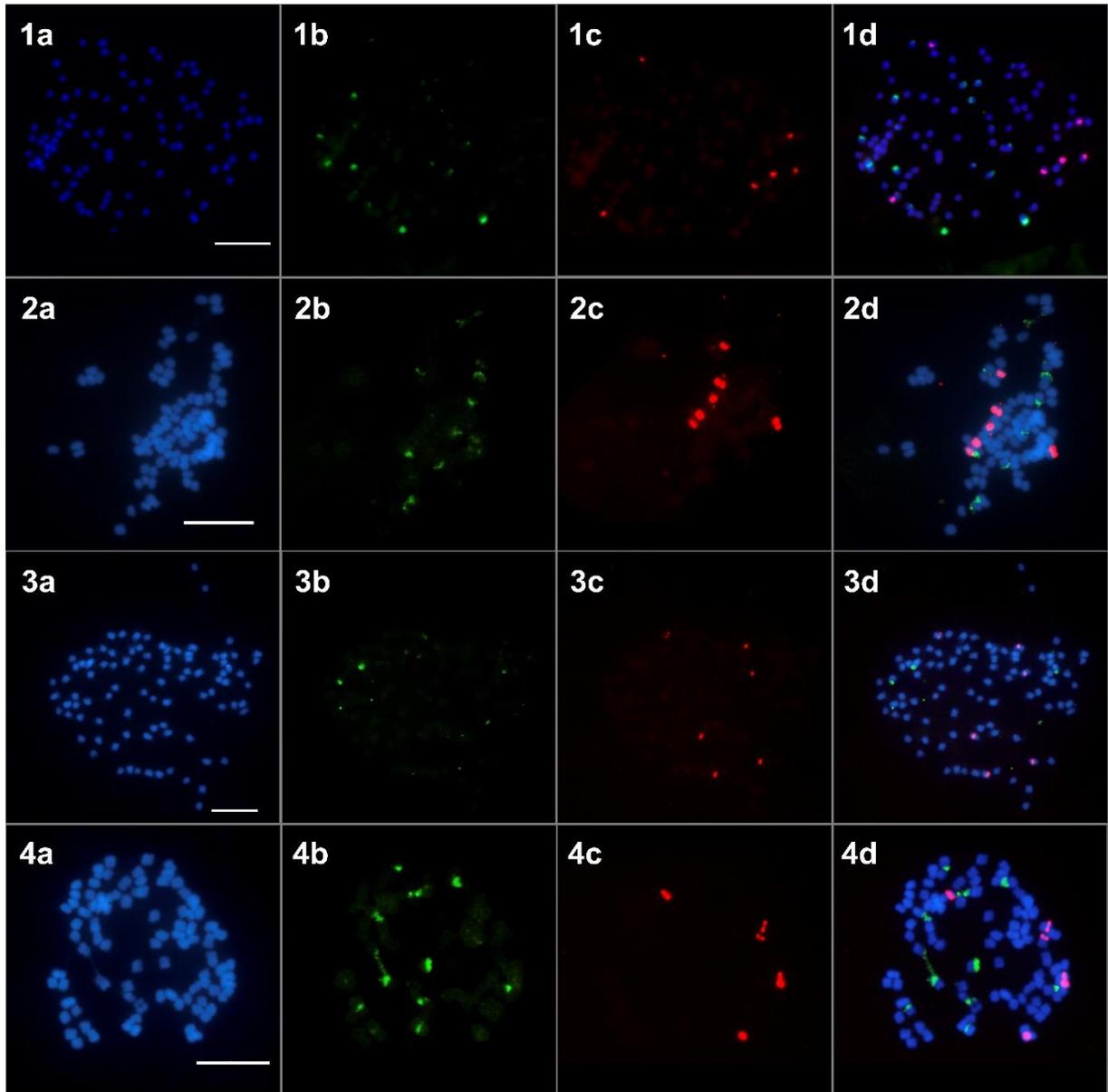
Legenda: Os sinais 35S foram classificados, de acordo com tamanho e intensidade em G (Grande), M (Médio) e P (Pequeno).

Fonte: Do autor (2022).

Foi observada uma distensão do sítio rDNA 35S em um cromossomo dos acessos UFVJM-61 (Figuras 1-2d e 2-2) e 1153 (Figuras 1-4d e 2-4). Su et al. (2020) descreveram essa distensão em diferentes genótipos de batata-doce de polpa roxa, via de regra, com a mesma configuração nos homólogos. No entanto, nos acessos UFVJM-61 e 1153 não foi identificado o cromossomo homólogo com uma distensão similar (Figuras 2-2 e 4). Como não foi possível construir o kariograma para identificar os homólogos, é importante considerar a possibilidade de o par cromossômico ser heteromórfico para essa característica nos acessos avaliados. Esse heteromorfismo nos sítios de rDNA 35S foi descrito por Srisuwan et al. (2006), acontecendo em *I. trifida* diploide, tetraploide e algumas variedades de *I. batatas*.

Nos acessos Ligeirinha (Figuras 1-1a/1d e 2-1) e 666 (Figuras 1-3a/3d e 2-3) foi observado um fragmento de cromossomo rico em sítio de 35S, pobre em adenina e timina (devido a coloração menos intensa do DAPI). Esse fragmento de cromossomo rico em sítios de 35S já foi observado na batata-doce cv. “Ningzishu 1”, ocorrendo apenas em um cromossomo (SU et al., 2020). Provavelmente esse fragmento cromossômico pode ser uma região satélite, como já observado em *I. leucanta*, *I. tiliacea*, *I. triloba*, *I. trifida* diploide e tetraploide, *I. setosa* e *I. tabascan* (SRISUWAN et al., 2006), em que a conexão entre o fragmento e seu cromossomo não é visível com a coloração DAPI ou com a hibridização da sonda 35S (ROA, GUERRA, 2012).

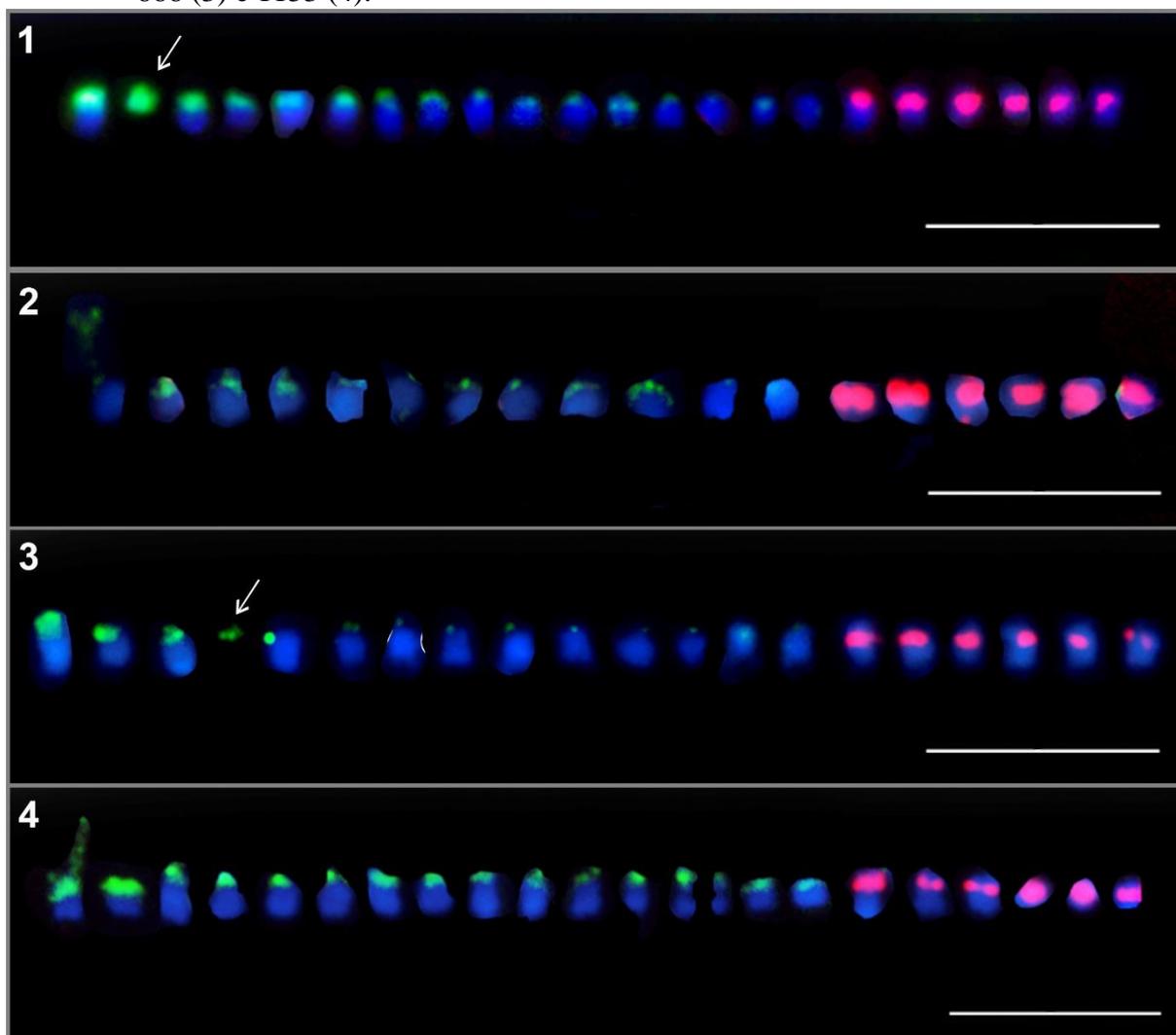
Figura 1. Metáfases dos quatro acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.).



Legenda: Dispostos nas linhas: Ligerinha (1), UFVJM-61 (2), 666 (3) e 1153 (4). As colunas (a, b, c e d) representam, respectivamente, a coloração DAPI (azul), localização do loco rDNA 18S (verde), do loco rDNA 5S (vermelho) e a sobreposição dos três (DAPI, rDNA 45S e 5S). Barra = 10 μ m.

Fonte: Do autor (2022).

Figura 2. Cromossomos isolados contendo os sítios 35S (verde) e 5S (vermelho) dos quatro acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.): Ligerinha (1), UFVJM-61 (2), 666 (3) e 1153 (4).



Legenda: Os cromossomos foram organizados conforme a intensidade dos sinais dos sítios ribossomais. As setas indicam o fragmento cromossômico encontrados no acesso Ligerinha (1) e 666 (3). Barra = 10 μ m.

Fonte: Do autor (2022).

5.2 Número de sítios de rDNA 35S e 5S

O número de sítios de rDNA 35S variou entre os acessos avaliados (Tabela 2; Figura 1-1b/4b), que apresentaram 12, 14 e 16 sinais. Essa variação já foi descrita para acessos de *I. batatas* hexaploide, com números de 12, 16 e 18 (SRISUWAN et al., 2006), 16, 17, 18, 19, 20 e 21 (SU et al., 2020) e 20 sinais na cultivar “Xushu 18” (Sun et al., 2019). A variação no número de locos de rDNA 35S pode estar relacionada à diploidização da espécie (SRISUWAN et al., 2006) e instabilidade genética (SU et al., 2020).

Estudos utilizando a técnica FISH no gênero *Ipomoea* sp., para identificar relação entre as espécies, indicam que não existe variação intraespecífica para número de sítios rDNA 35S

nas espécies diploides sendo 8 para *I. leucanta* e *I. tiliacea*, 4 para *I. triloba*, *I. trifida* e 2 sítios para *I. setosa* (SRISUWAN et al., 2006). As espécies tetraploides *I. tabascanana* e *I. trifida*, apresentaram 10 sítios de rDNA 35S. Já a batata-doce (hexaploide) tem variação intraespecífica, com cariótipos com 12, 16 e 19 sinais 35S. Essa variabilidade intraespecífica no gênero *Ipomoea*, foi relatada apenas para *I. batatas* (SRISUWAN et al., 2006; SU et al., 2020). Roa e Guerra (2012) relatam que essa variação intraespecífica de sítios rDNA 35S pode ocorrer ou não em espécies do mesmo gênero, como no caso de *Phaseolus*, onde em *P. vulgaris* o número de sítios varia de 6 a 18 e em *P. lunatus*, 6 sítios é uma característica conservada.

A variação intraespecífica pode estar associada ao fato de alguns sítios estarem abaixo do limite de detecção da FISH e, portanto, não ser real. A variação real pode ser resultado de uma eventual amplificação em diferentes populações, por ação de elementos transponíveis, ou da perda de sítios de rDNA inativos (ROA, GUERRA, 2012). Em batata-doce, essa variação de sítios ribossomais 35S pode decorrer da sua condição hexaploide, pois não é uma variação que ocorre em outras espécies do gênero que são diploides ou tetraploides (SRISUWAN et al., 2006; SUN et al., 2019). Para Roa e Guerra (2012), essa variação dos sítios de rDNA 45S em poliploides está relacionada com o tempo de surgimento, e ao processo de diploidização. Poliploides mais recentes tendem a possuir mais sítios 35S que os mais antigos, que já estão mais avançados no processo de diploidização com redução e estabilização dos sítios ribossomais, como observado em *Aristolochia*, *Nicotiana* e *Avena* (ROA, GUERRA, 2012).

Os quatro acessos apresentaram 6 sítios de rDNA 5S (Figura 1- 1c/2c/3c/4c). No gênero *Ipomoea* o sítio de rDNA 5S é altamente conservado, onde as espécies diploides, tetraploides e hexaploides apresentam número constante de 2, 4 e 6, respectivamente. Isso indica aumento diretamente relacionado à ploidia (SRISUWAN et al., 2006; SU et al., 2020). No entanto, já foi observada a variação no número de sítios de rDNA 5S em 2 cultivares de batata-doce de polpa roxa: “Quanzishu 96” com 7 e “Yuzixiang 10” com 5 (SU et al., 2020). As mesmas sondas ribossomais foram localizadas nos parentais da cv. “Quanzishu 96” (“Longshu 9” e “Quanshu 10”), verificando-se que o número de sítios de rDNA 35S era igual nas três cultivares (18 sítios) e que os parentais apresentavam 6 sítios de rDNA 5S (SU et al., 2020), indicando que essa variação no número de sítios ribossomais 5S pode estar associada a algum evento pós-hibridação.

A cv. “Ligeirinha” apresenta 6 sítios de rDNA 5S e 16 sítios de rDNA 35S (Tabela 2), o mesmo padrão das cultivares “Ningzishu 2”, “Guizishu 1”, “Jixuzi 2”, “Guijingzhu 6” e “Nanzishu 015” de batata-doce de polpa roxa (SU et al., 2020). A cv. “UFVJM-61” tem 6 e 12 sítios de rDNA 5S e 35S, respectivamente (Tabela 2) e apresenta o mesmo número de locos

ribossomais quando comparada com 9 das 10 cultivares de batata-doce de vários países diferentes (Filipinas, Peru, Peru, Indonésia, Porto Rico, Coreia do Sul e China) utilizadas por Srisuwan et al., (2006). Cariótipos com 12 sítios de rDNA 35S são os mais comuns entre as cultivares do continente asiático e americano estudadas até então. Não há relato de 14 sítios, como observado no acesso “666”, estando na faixa de variação (12 a 21) observada até então nos acessos de batata-doce (SRISUWAN et al., 2006; SU et al., 2020; SUN et al., 2019).

A aneuploidia no acesso “1153” ($2n = 6x = 90-1$) não reduziu o número de sítios de rDNA 5S e 35S quando comparado com os outros três acessos (Ligeirinha, UFVJM-61 e 666) (Tabela 1). Esse dado indica que o cromossomo perdido não era portador dos genes ribossomais. O mesmo foi observado nas cultivares “Yanzishu 3”, “Ningzishu 5”, “Ezishu 12”, “Puzishu 3” e “Guangzishu 11” de batata-doce de polpa roxa que apresentaram aneuploidia monossômica. Essas cultivares apresentaram 6 sítios de rDNA 5S e 17, 18 e 19 sítios ribossomais 35S, número superior ao menor número observado (16) nas 76 cultivares avaliadas (SU et al., 2020). Dentre as cultivares aneuploides ($2n = 6x = 90-1$) de batata-doce de polpa roxa do banco de germoplasma da China, a cv. “Ezishu 12” tem 17 sítios de rDNA 35S, número mais próximo do observado no acesso aneuploide “1153” do banco de germoplasma da UFLA.

5.3. Distribuição e intensidade de locos de rDNA 35S e 5S

Os sítios de rDNA 35S foram localizados principalmente na região terminal. Essa localização é compatível com os relatos para batata-doce (*I. batatas*) e para outras espécies do gênero *Ipomoea* sp. (SRISUWAN et al., 2019; SUN et al., 2019; SU et al., 2020). Geralmente, os locos ribossomais 35S em angiospermas (50,1%) estão localizados na região terminal do cromossomo. Essa localização pode estar relacionada com as restrições de recombinação homóloga, importantes para homogeneização de repetições intra e interlocos e com maior tolerância a rearranjos em relação ao equilíbrio gênico e segregação meiótica (Pode também estar relacionada com a proteção que as sequências repetitivas de rDNA 35S proporciona ao telômero, atuando de forma semelhante ao DNA subtelomérico, como acontece em alguns cromossomos de *Allium cepa*. Geralmente, em poliploides ocorre o aumento no número de sítios de rDNA 35S, mas conservando a localização terminal (ROA, GUERRA, 2012).

O tamanho e a intensidade dos sinais rDNA 35S variou entre cromossomos em todos os acessos (Figura 1-1b a 4b; Figura 2-1 a 4), indicando diferenças no número de repetições da unidade gênica. A classificação dos sinais em grandes, médios e pequenos (Tabela 2) revelou também variação no padrão entre acessos. A variação na intensidade de sinais entre cultivares

e na mesma cultivar já foi relatada por Su et al., (2020). A intensidade do sítio ribossomal 35S variou entre os quatro acessos de batata-doce (Ligeirinha, UFVJM-61, 666 e 1153) (Figura 2). A cv. “Ligeirinha” apresenta padrão de intensidade de sítios 35S (Tabela 1) similar ao da cv. “Ningzishu 2” (2 sinais grandes, 10 médios e 4 pequenos) (SU et al., 2020). A cv. “UFVJM-61” tem intensidade de sítios 35S (Tabela 2) parecido com a cv. “Guijingshu 9” apresentando 4 e 14, sinais médios e pequenos, respectivamente (SU et al., 2020). O acesso “666” tem poucos cromossomos com sinais grandes (2) e médios (2) de rDNA 35S e a maioria (10) é de sinais pequenos (Tabela 2), apresentando similaridade com a cv. “Ningzishu”, com 2 sinais grandes, 6 médios e 10 pequenos (SU et al., 2020). Dentre as cultivares aneuploides ($2n=6x=90-1$) avaliadas por Su et al. (2020), a mais similar ao acesso “1153” é a cv. “Ezishu 12”.

Os sítios de rDNA 5S foram localizados principalmente na região proximal e alguns no braço inteiro do cromossomo (Figura 2). O tamanho e a intensidade do sítio de rDNA 5S foram diferentes entre acessos (Figura 1- 1c, 2c, 3c e 4c) e dentro do mesmo acesso. Os sítios de rDNA 5S no gênero *Ipomoea* sp. e em batata-doce (*I. batatas*) são localizados geralmente na região proximal e intersticial dos cromossomos (SRISUWAN et al., 2019; SUN et al., 2019; SU et al., 2020). A cv. “Ligeirinha” e acesso “666” apresentaram 6 sítios de rDNA 5S na região proximal, similar ao da cv. “Guijibgshu”, “Yanzishu 4” e “Ningzishu 1” (SU et al., 2020). A cv. “UFVJM-61” tem 4 sítios localizados na região proximal e 2 no braço inteiro do cromossomo, similar ao da cv. “Ezishu 12” (SU et al., 2020). O acesso “1153” apresenta 4 sítios na região proximal, 2 no braço inteiro do cromossomo, similar ao da cv. “Guangzishu 8” (SU et al., 2020).

A variação na intensidade de sinais entre cultivares e na mesma cultivar, devido às diferenças no número de cópias em tandem das unidades gênicas, já foi relatada por Su et al., (2020). A intensidade e a localização do sítio ribossomal 5S variaram entre os quatro acessos de batata-doce (Ligeirinha, UFVJM-61, 666 e 1153) (Figura 2). A cultivar “UFVJM-61” apresentou a maior intensidade de sinal do sítio rDNA 5S (Figura 2-2), indicando que esta tem um maior número de cópias em tandem de rDNA 5S (SU et al., 2020).

Nenhuma cultivar apresentou co-localização das regiões ribossomais (Figura 1- 1d, 2d, 3d e 4d). A colocalização dos sítios ribossomais 35S e 5S é relatada em *I. setosa* (SRISUWAN et al., 2019) e em cinco cultivares de batata-doce (SUN et al., 2019; SU et al., 2020).

Os resultados corroboram relatos prévios sobre o cariótipo de batata-doce (*I. batatas*), de existência de aneuploidia, provavelmente associada com cor de polpa, e variabilidade numérica e estrutural dos locos de rDNA 5S. Isso evidencia a importância da caracterização cariotípica detalhada e ampla do Banco de Germoplasma da UFLA, que tem genótipos de diferentes cores de polpa e diferentes origens, para subsidiar principalmente as estratégias que

envolvem uso da hibridação. Aponta também para a importância do estudo da regularidade do comportamento meiótico e da formação de gametas, especialmente nos genótipos aneuploides.

6. CONCLUSÃO

Existe variabilidade para número de cromossomos entre os acessos de batata-doce, sendo que os acessos “Ligeirinha”, “UFVJM-61” e “666” apresentam número cromossômico típico da espécie ($2n=2x=90$) e o acesso “1153” é um aneuploide monossômico ($2n=6x=90-1$).

Existe variabilidade entre acessos para número de sítios de rDNA 35S dentro de acessos para tamanho do loco 35S.

Os sítios de rDNA 5S tem número constante entre os quatro acessos, posição preferencialmente proximal, mas apresentam variação na posição e no tamanho do loco, tanto entre quanto dentro de acessos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANDRADE, R. L. P. D.; MARTINS, J. F. P. Influência da adição da fécula de batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) sobre a viscosidade do permeado de soro de queijo. **Food Science and Technology**, v. 22, p. 249-253, 2002.
- AZEVEDO, A. M. et al. Agrupamento multivariado de curvas na desidratação em raízes de batata-doce. **Brazilian Journal of Agricultural Sciences/Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 13, n. 3, p. 6, 2018.
- AZEVEDO, A. M. et al. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de batata-doce visando a produção de silagem. **Agrária- Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 10, n. 3, p. 479-484, 2015.
- BECERRA LOPEZ-LAVALLE, L. A; ORJEDA, G. Occurrence and cytological mechanism of $2n$ pollen formation in a tetraploid accession of *Ipomoea batatas* (sweet potato). **Journal of Heredity**, v. 93, n. 3, p. 185-192, 2002.
- BEZERRA, J. R. M. V. et al. Processamento de barras de cereais com adição de farinha de batata-doce (*Ipomoea batatas* L.). **Ambiência Guarapuava (PR)**. v.11, n.1, p. 65-73, 2015.
- BOHAC, J. R. et al. Alfred. Discovery of wild tetraploid sweetpotatoes. **Economic Botany**, v. 47, n. 2, p. 193-201, 1993.
- CHEN, L. et al. Development of a set of chromosome-specific oligonucleotide markers and karyotype analysis in the Japanese morning glory *Ipomoea nil*. **Scientia Horticulturae**, v. 273, p. 6, 2020.
- CIP – International Potato Center. **Facts and figures about sweetpotato 2020**. Disponível em: <<https://cipotato.org/genebankcip/process/sweetpotato/sweet-cultivated/>>. Acesso em: 25 jun. 2020.
- DA SILVA, J. B. C. et al. Cultivo da batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam). **Embrapa Hortaliças-Outras publicações técnicas (INFOTECA-E)**, 3^a.ed. Brasília-DF: Embrapa Hortaliças p. 18, 1995.
- DOLEŽELOVÁ, M. et al. Physical mapping of the 18S-25S and 5S ribosomal RNA genes in diploid bananas. **Biologia Plantarum**, v. 41, n. 4, p. 497-505, 1998.
- DONATO, L. M. S. et al.; Uso de ramas de batata-doce para produção de feno. **Ciência Animal Brasileira**, v. 21, p. 12, 2020.
- DONG, F. et al. Developmet and applications of a set of chromosomo-specific cytogenetic DNA markers in potato. **Theor. Appl. Genet.** v. 101, p. 1001-1007, 2000.
- DOS SANTOS, A. A. et al. Efeito da desramificação na produtividade e qualidade da batata-doce. **Australian Journal of Crop Science**, v. 13, n. 10, p. 1712-1722, 2019.

DOS SANTOS, E. A. et al. Selectivity of pre-emergent herbicides in sweet potato genotypes. **Brazilian Journal of Agricultural Sciences/Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 13, n. 1, 2018.

E CASTRO, B. C. et al. Morphological characters of resistant and susceptible *Ipomoea batatas* genotypes to *Tetranychus ludeni* (Acari: Tetranychidae). **Phytoparasitica**, v. 47, n. 4, p. 505-511, 2019.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisas Agropecuária. **Batata-doce biofortificada apresenta bons resultados no Sul do País 2020**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-noticias/-/noticia/1499507/batata-doce-biofortificada-apresenta-bons-resultados-no-sul-do-pais>>. Acesso em: 10 set. 2020.

ENGEL E. Exploration of the Chilca Canyon. **Current Anthropol.** v.11, p. 55-58, 1970.

FAOSTAT- Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistics. **Crops 2018**. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/es/#data/QC/visualize>>. Acesso em: 08 set. 2020.

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

FRANCO, V. A. et al., Propriedades reológicas e composição proximal de farinha de arroz e farinha de batata-doce. **Científic@ Multidisciplinary Journal**, v.3, n.3, p. 113-124, 2018.

GAO, M. Hexaploid sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) may not be a true type to either auto- or allopolyploid. **PloS One**, v. 15, n. 3, p. 26, 2020.

GUERRA, M. A situação da citotaxonomia de angiospermas nos trópicos e, em particular, no Brasil. **Acta Botanica Brasilica**, v.4, n. 2, p. 75-86, 1990.

GUERRA, M.; SOUZA, M. J. de. **Como observar cromossomos**: um guia de técnicas em citogenética vegetal, animal e humana. Riberão Preto, SP; FUNPEC, p. 131, 2002.

HOSHINO, A. et al. Genome sequence and analysis of the Japanese morning glory *Ipomoea nil*. **Nature communications**, v. 7, n. 1, p. 1-10, 2016.

HUAMÁN, Z. **Descriptors for sweet potato**. Rome, IT: CIP, AVRDC, IBPGR. p. 133, 1991. IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Resultados do Censo Agropecuário 2020**. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457#resultado/>>. Acesso em: 6 fev. 2022.

JONES, A. Sweet potato. In: FEHR, W.R. E H.H. HADDEY (Ed.). Hybridization of crop plants. Madison: **American Society of the Agronomy**, p. 645-655, 1980.

JONES, A.; DEONIER, M. T. Interspecific crosses among *Ipomoea lacunosa*, *I. romoni*, *I. trichocarpa*, and *I. triloba*. **Bot. Gaz**, p. 226-232, 1965.

JONES, A.; DUKES, P. D. Some seed, seedling, and maternal characters as estimates of commercial performance in sweet potato breeding. **Journal of the American Society for Horticulture Science**, Lancaster, v. 101, n. 4, p. 385-388, 1976.

- LOW, J. W. et al. Food-based approach introducing orange-fleshed sweet potatoes increased Vitamin A intake and serum retinol concentrations in young children in rural Mozambique. **The Journal of Nutrition**, v. 137, n. 5, p. 1320-1327, 2007.
- MAGOON, M. L. et al. Evidências citológicas sobre a origem da batata-doce. **Teórica e Genética Aplicada**, v. 40, n. 8, p. 360-366, 1970.
- MAINO, S. C. et al. Batata-doce (*Ipomoea batatas*) dentro do contexto de culturas energéticas, uma revisão. **Revista Brasileira de Energias Renováveis**, v. 8, n. 4, p. 629-638, 2019.
- MARTIN, F. W.; JONES, A. The species of *Ipomoea* closely related to the sweet potato. **Economic Botany**, New York, v. 26, n. 3, p. 201-215, 1972.
- MASOUDI-NEJAD, A. et al. Transfer of rye chromosome segments to wheat by a gametocidal system. **Chromosome Research**, v. 10, n. 5, p. 349-357, 2002.
- MELO, S. G. F. **Dormência e avaliação da qualidade fisiológica de sementes de batata-doce com o uso da análise de imagens**. 2020. 51p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, 2020.
- MUÑOZ-RODRÍGUEZ, P. et al. Reconciling Conflicting Phylogenies in the Origin of Sweet Potato and Dispersal to Polynesia. **Current Biology**, v.28, p. 1-11, 2018.
- NETO, A. C. G., et al. Aptidões de genótipos de batata-doce para consumo humano, produção de etanol e alimentação animal. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 46, n. 11, p. 8, 2011.
- NISHIYAMA, I. et al. Evolutionary autopolyploidy in the sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) and its progenitors. **Euphytica**, v. 24, n. 1, p. 197-208, 1975.
- ORJEDA, G., et al. Production of 2n pollen in diploid *Ipomoea trifida*, a putative wild ancestor of sweet potato. **Journal of Heredity**, v. 81, n. 6, p. 462-467, 1990.
- PERRY, L. Starch granule size and the domestication of manioc (*Manihot esculenta*) and Sweet potato (*Ipomoea batatas*). **Economic Botany**, v. 56, p. 345-349, 2002.
- PROHORT – Programa Brasileiro de Modernização do Mercado de Hortigranjeiro. **Ministério da Agricultura**. Dados 2020/2021. 2021. Disponível em: <http://dw.ceasa.gov.br>. Acesso em: 1 dez. 2021.
- RANE, V. A. et al. Karyotype Analysis of Ten Species of *Ipomoea* Jacq. **Cytologia**, v. 77, n. 2, p. 239-249, 2012.
- RITSCHHEL, P. S. et al. Organização do banco ativo de germoplasma de batata-doce: situação atual e perspectivas. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro: versão**, v. 1, p. 21, 2010.
- ROA, F.; GUERRA, M. Distribution of 45S rDNA sites in chromosomes of plants: structural and evolutionary implications. **BMC Evolutionary Biology**, v. 12, n. 1, p. 1-13, 2012.

- RODRÍGUEZ, A. M. et al. Origen, evolución y distribución del boniato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) una revisión. **Agricultura Tropical**, v. 3, p. 13, 2017.
- RODRÍGUEZ, A. M. et al. Self-incompatibility of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). a review. **Agricultura Tropical**, v. 5, n. 2, p. 1-8, 2020.
- ROULLIER, C. A. et al. Combining chloroplast and nuclear microsatellites to investigate origin and dispersal of New World sweet potato landraces. **Molecular Ecology**, v. 20, p. 3963-3977, 2011.
- ROULLIER, C. A. et al. Disentangling the origins of cultivated sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). **PLoS One**, v. 8, n. 5, p. 12, 2013.
- ROULLIER, C. A. et al. On the origin of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) genetic diversity in New Guinea, a secondary centre of diversity. **Heredity**, v. 110, p. 594-604, 2013.
- SAMPATHKUMAR, R. Karyomorphological studies in some south Indian Convolvulaceae. **Cytologia**, v. 44, n. 2, p. 275-286, 1979.
- SANTOS, E. A. DOS et al. Sensitivity of sweet potato genotypes to clomazone and weed interference. **Revista Caatinga**, v. 31, n. 2, p. 352-359, 2018.
- SANTOS, I.; SALOMAO, A. N. Germinação de sementes de *Ipomoea cynanchifolia* após armazenamento em diferentes temperaturas e escarificação. **Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia-Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento (INFOTECA-E)**, 2019.
- SILVA, L. M. **Elementos do sistema reprodutivo de etnovariedades de batata-doce, provenientes do Vale do Ribeira, SP, Brasil**. 2008. 63p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2008.
- SOARES, I. M. et al. Conteúdo fenólico e atividade antioxidante de diferentes cultivares de *Ipomoea batatas* (L.) Lam. obtidas por melhoramento genético para produção industrial de etanol. **Revista Ciências Farmacêuticas Básica e Aplicada**, p. 479-488, 2014.
- SRISUWAN, S. et al. The origin and evolution of sweet potato (*Ipomoea batatas* Lam.) and its wild relatives through the cytogenetic approaches. **Plant Science**, p. 424-433, 2006.
- STAPLES, G. W. **Convolvulaceae Unlimited**. 2012 Disponível em: <<http://convolvulaceae.myspecies.info/>>. Acesso em: 15 de mai. 2020.
- STEINBAUER, C. E; KUSHMAN; L. J. Sweet-potato culture and diseases. Washington, D.C. U.S.D.A, (Agriculture Handbook ,388), 74p., 1971.
- SU, D. et al. Comparative chromosomal localization of 45S and 5S rDNA sites in 76 purple-fleshed sweet potato cultivars. **Plants**, v. 9, n. 7, p. 865, 2020.
- SUN, J. et al. Comparative karyotype analysis among six *Ipomoea* species based on two newly identified repetitive sequences. **Genome**, v. 62, n. 4, p. 243-252, 2019.

TECHIO, V. H. et al. Número cromossômico em acessos de *Pennisetum* spp. (Poaceae, Poales). **Acta Scientiarum. Biological Sciences**, v. 30, n. 3, p. 291-294, 2008.

TEMPLAR, S. et al., Genetic diversity in sweet potato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] in relationship to geographic sources as assessed with RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 50, p. 429–437, 2003.

UFLA – Universidade Federal de Lavras. **Página rural 17 anos**. 2019. Disponível em: <<https://www.paginarural.com.br/noticia/271855/melhoramento-genetico-da-batata-doce-e-tema-de-pesquisa-no-departamento-de-agricultura-da-ufla>>. Acesso em: 25 jun. 2020.

VALADARES, N. R. et al. Effect of different additives on the silage quality of sweet potato branches. **Revista Caatinga**, v. 32, n. 2, p. 506-513, 2019.

VASCONCELOS, L. V. et al. Morfologia polínica de espécies das tribos Ipomoeae Hallier f. e Merremiea D.F. Austin (Convolvulaceae) ocorrentes numa região de ecótono do município de Caetité, BA, Brasil. **Hoehnea**, v. 42, n. 2, p. 253-264, 2015.

VIANA, D. J. S. et al. Evaluation of productivity of sweet potato genotypes for first and second generation bioethanol production. **African Journal of Biotechnology**, v. 16, n. 49, p. 2289-2298, 2017.

VIZZOTTO, M. et al., Composição mineral em genótipos de batata-doce de polpas coloridas e adequação de consumo para grupos de risco. **Brazil Journd of Food Technol.** v. 21, p. 8, 2018.

White TJ, Bruns T, Lee S & Taylor JW. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ (eds). *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications*. New York: Academic Press pp: 315–322.

WU, S. et al. Genome sequences of two diploid wild relatives of cultivated sweetpotato reveal targets for genetic improvement. **Nature communications**, v. 9, n. 1, p. 1-12, 2018.

YANG, J. et al. The haplotype-resolved genome sequence of hexaploid *Ipomoea batatas* reveals its evolutionary history. **bioRxiv THE PREPRINT SERVER FOR BIOLOGY**, p. 1-30, 2016.

ZHANG, D.P., J. et al. Assessing genetic diversity of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) cultivars from tropical America using AFLP. **Genetic Resources and Crop Evolution**. vol. 47, p. 659-665, 2000.