SELEÇÃO DE CLONES SUPERIORES DE BATATA PARA RESISTÊNCIA AO PVX COM BASE NA DETECÇÃO DO ALELO *Rx1*

Mayra Alejandra Rincón Rueda, Mikael de Paula Brandão, Caroline Vitoriano Reis, João Augusto Paixão Peres, Ivan David Briceño-Pinzón, Tiago de Souza Marçal, Lucimara Cruz de Souza.

Universidade Federal de Lavras/ Departamento de Biologia, Avenida Central, S/N, 37200-000, Lavras - MG, Brasil, mayra.rueda2@estudante.ufla.br, mikael.brandao1@estudante.ufla.br, caroline.reis2@estudante.ufla.br, joao.peres1@estudante.ufla.br, Ivan.pinzon2@ufla.br, tiago.marcal@ufla.br, lucimaracruz@ufla.br.

Resumo

A batata destaca-se entre as principais culturas alimentares de importância mundial, porém, sua produtividade e qualidade de tubérculos podem ser negativamente afetadas por viroses, como o *potato virus X* (PVX). Este estudo teve como objetivo identificar clones superiores de batata com base na presença do alelo *Rx1*, associado à resistência ao PVX . Foram avaliados 180 clones em um experimento conduzido em campo, quanto à produtividade de tubérculos e à gravidade específica. Posteriormente, os clones foram submetidos à análise molecular para a detecção do alelo Rx_1. Nos clones portadores do alelo Rx_1, foi aplicada uma intensidade de seleção de 30% nos caracteres agronômicos, visando a identificação de clones superiores enquanto a produtividade e qualidade de tubérculos. Os resultados evidenciaram elevada frequência de clones portadores do alelo Rx_1 na população avaliada (90,55%), destacando-se, entre esses, 49 clones com desempenho agronômico superior. Esses resultados indicam a presença de clones potencialmente promissores para o melhoramento genético da cultura.

Palavras-chave: Melhoramento genético. Seleção fenotípica. *Solanum tuberosum* L.. Caracterização molecular.

Área do Conhecimento: Ciências biológicas - Genética

Introdução

A batata (*Solanum tuberosum* L.) destaca-se entre as hortaliças de maior importância mundial, desempenhando papel relevante na segurança alimentar global. Entretanto, a produtividade e a qualidade dos tubérculos são negativamente afetadas pela ocorrência de doenças (Rigneault *et al*., 2021). Entre as doenças da cultura, as viroses constituem uma das maiores ameaças à produção de batata, principalmente devido à sua capacidade de persistir e disseminar-se nos sistemas de cultivo (Kumar *et al*., 2022). Dentre os vírus que mais limitam a produtividade da cultura, destaca-se o *potato virus X* (PVX) (Verchot *et al*., 2022). O uso de sementes certificadas constitui uma estratégia para reduzir a disseminação do PVX, porém, o aumento dos custos associados à sua utilização pode limitar sua adoção pelos produtores. Nesse contexto, o uso generalizado de germoplasma geneticamente resistente constitui uma alternativa economicamente viável para mitigar os impactos das viroses na cultura da batata (Verchot *et al*., 2022; Kumar *et al*., 2022). Assim, a identificação de alelos de resistência em germoplasma de melhoramento representa uma etapa essencial para reduzir os impactos das viroses na cultura.

Entre os principais alelos associados à resistência ao PVX, destaca-se o Rx_1, que confere resistência ao vírus (Amadvand *et al*., 2013). A utilização de marcadores moleculares associados a esse alelo possibilita sua detecção precoce e a aplicação da seleção assistida por marcadores, aumentando a eficiência e a precisão do processo seletivo (Amadvand *et a*l., 2013; Islam *et al*., 2025). Nesse contexto, os marcadores moleculares constituem ferramentas estratégicas para o melhoramento genético da batata, uma vez que possibilitam a identificação mais rápida e precisa de clones portadores de alelos de interesse. Essa abordagem é particularmente relevante em programas de melhoramento que visam à seleção simultânea de múltiplos caracteres, contribuindo para o desenvolvimento de cultivares agronomicamente superiores e com resistência a doenças (Pádua *et al*., 2026).

A avaliação agronômica tradicional nos programas de melhoramento genético da batata contempla caracteres relacionados à produtividade e à qualidade de tubérculos, permitindo a identificação de clones promissores para diferentes segmentos de mercado, bem como de clones com elevado desempenho produtivo e ampla adaptação a diferentes condições ambientais (Rueda *et al*., 2026). A adoção de avaliações agronômicas e a seleção assistida por marcadores, por sua vez, constitui uma estratégia relevante para direcionar a seleção de clones que reúnam características agronômicas favoráveis e resistência a viroses (Fernandes Filho *et al*., 2021; Pádua *et al*., 2026). Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo identificar clones superiores de batata portadores do marcador molecular associado à resistência ao PVX.

Metodologia

Foram avaliados 180 clones de batata provenientes do programa de melhoramento genético da Universidade Federal de Lavras (UFLA), Minas Gerais, Brasil. Os clones pertenciam a 12 famílias clonais derivadas de cruzamentos biparentais, identificadas como *RPC*. A avaliação foi realizada durante a safra de inverno de 2024, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da UFLA, em Lavras, MG. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos incompletos parcialmente replicados (*p-rep*), conforme Cullis et al. (2006), com aproximadamente 20% das parcelas replicadas. A produtividade total de tubérculos (TTY, t ha^{-1}) foi obtida pela massa dos tubérculos colhidos em cada parcela (1,2 m^2), posteriormente convertida para t ha^{-1}. A gravidade específica (SG) foi determinada por meio de balança hidrostática, utilizando-se a expressão: SG = massa dos tubérculos no ar / (massa dos tubérculos no ar − massa dos tubérculos na água).

Para a extração do DNA genômico, folhas jovens, sadias e completamente expandidas dos 180 clones *RPC*, foram coletadas. A extração foi realizada com base no método de brometo de cetiltrimetilamônio (CTAB) descrito por Doyle e Doyle (1987), com pequenas modificações. A amplificação do alelo Rx_1 (374 bp) foi realizada com o par de *primers* Rx1-1R/5R: 5′-CAC CTT CAG GTT CTA CGC-3′ e 5′-ACG GCA ATC TCT AAG AAT AAC T-3′ (Islam *et al*., 2025). A amplificação foi realizada em um volume final de reação de 15 µL, contendo: tampão de PCR 1X (100 mM Tris-HCl, pH 8,5; 500 mM KCl), mistura de dNTPs (0,1 mM de cada nucleotídeo), 1,5 mM de MgCl2, 0,4 µM de cada primer, 2 U/µL de Taq DNA polimerase (Ludwig Biotechnology) e 50 ng de DNA molde. As reações foram conduzidas em um termociclador *Applied Biosystems SimpliAmp*, utilizando os perfis de ciclagem térmica originalmente descritos por Islam et al. (2025). Os produtos de PCR foram separados por eletroforese em gel de agarose a 3%, corado com brometo de etídio, sob 100 V por 60 minutos. Os fragmentos foram visualizados sob luz ultravioleta e seu tamanho estimado por comparação com marcador molecular de 50 bp.

Os caracteres agronômicos foram analisados por meio de modelos lineares mistos, com predição dos valores genotípicos por EBLUPs, utilizando o *software* Echidna Mixed Models (Gilmour, 2024). Foi determinada a proporção de clones portadores do marcador molecular associado ao alelo Rx1, na população total e em cada família *RPC*, bem como os valores médios de TTY e SG por família. Inicialmente, foram identificados os clones portadores do marcador Rx_1 e, dentro desse grupo, aplicou-se a metodologia da soma de postos (Mulamba; Mock, 1978), considerando maiores valores de TTY e SG como critérios de seleção e adotando-se uma intensidade de seleção de 30%.

Resultados

Da totalidade de famílias RPC avaliadas, seis apresentaram 100% dos clones portadores do alelo Rx_1, enquanto apenas uma família apresentou proporção inferior a 60% de clones portadores do alelo (Tabela 1). Não foi observada uma associação consistente entre a proporção de clones portadores do alelo por família clonal e o desempenho para TTY e SG. Famílias com elevada frequência de clones possuindo o alelo de resistência não apresentaram, necessariamente, maiores valores médios para esses caracteres. Dessa forma, foi inviabilizada a seleção em nível de família e indicando a necessidade de realizar a seleção em nível individual de clone.

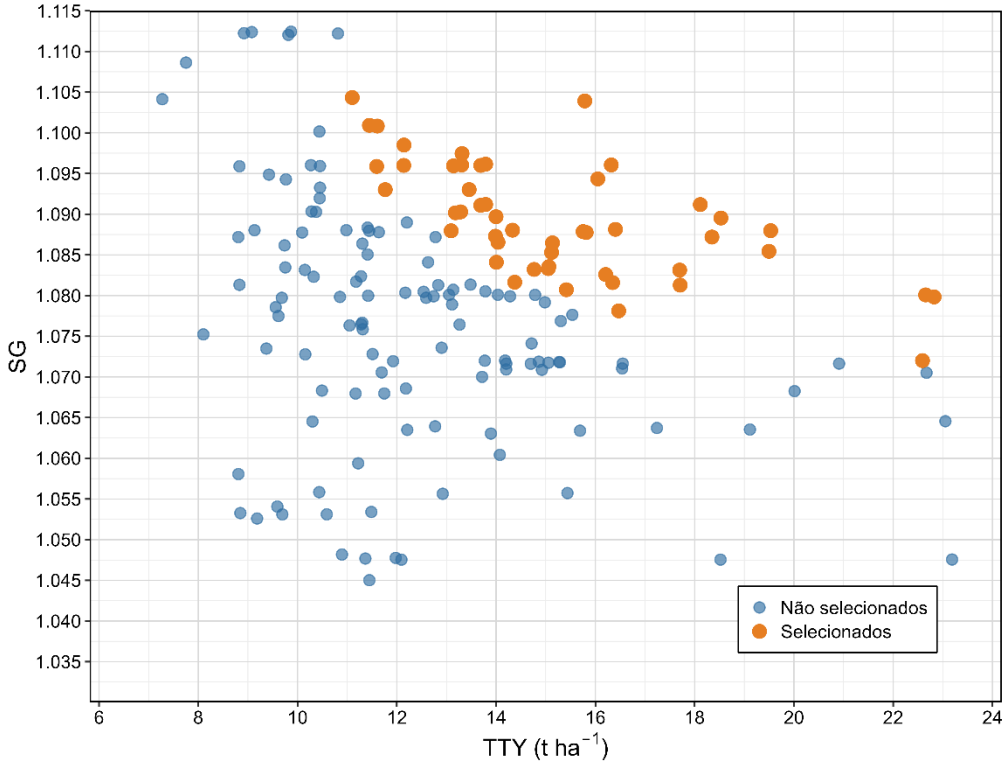
Dos clones portadores do alelo Rx_1, 30% foram selecionados por apresentarem, simultaneamente, desempenho superior para TTY e SG. Ao todo, foram selecionados 49 clones, que apresentaram valores médios de aproximadamente 1,090 para SG e 16 t ha^{-1} para TTY.

Tabela 1 - Caracterização das famílias *RPC* quanto ao número de clones avaliados (n), frequência de clones portadores do marcador Rx_1 e ao desempenho para análise da produtividade total de tubérculos (TTY, t ha^{-1}) e da gravidade específica (SG)

Familia	n	Rx_1^+ (%)	TTY	SG
RPC01	13	54	12,44	1,066
RPC02	12	92	11,54	1,077
RPC03	17	94	11,69	1,080
RPC04	21	100	12,59	1,078
RPC05	13	62	12,96	1,084
RPC06	15	80	15,11	1,086
RPC07	12	100	11,77	1,078
RPC08	16	100	12,57	1,078
RPC09	11	100	12,36	1,077
RPC10	16	94	12,72	1,079
RPC11	16	100	16,36	1,086
RPC12	18	100	14,53	1,083

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

Figura 1 – Distribuição dos clones experimentais portadores do alelo Rx_1 de acordo com os valores médios estimados a partir da análise da produtividade total de tubérculos (TTY, t ha^{-1}) e da gravidade específica (SG)



Fonte: elaborado pelo próprio autor.

Discussão

A alta proporção de clones portadores de alelos de resistência observada nas famílias avaliadas pode refletir a acumulação desses alelos ao longo de sucessivos ciclos de cruzamentos e seleção envolvendo genitores resistentes, contribuindo para o aumento da frequência dos alelos associados à resistência viral na população (Bradshaw, 2022). Nesse contexto, os resultados refletem os esforços do programa de melhoramento genético de batata da Universidade Federal de Lavras, no processo de introgressão e manutenção dos alelos de resistência a viroses na população de melhoramento (Carneiro *et al*., 2017; Guedes *et al*., 2016; Ribeiro *et al*., 2006).

A ausência de um padrão consistente entre a presença do alelo de resistência nos clones e um padrão específico de desempenho agronômico, indica a viabilidade de selecionar os clones resistentes sem comprometer seu desempenho agronômico. Estudos anteriores, já relataram a ausência de associação negativa entre a presença de alelos de resistência viral e o desempenho agronômico em batata (Milczarek *et al*., 2017; Khan *et al*., 2020). A gravidade específica está diretamente relacionada ao teor de matéria seca, um atributo essencial para a qualidade e o rendimento industrial da batata destinada ao processamento (Schippers, 1976). Dessa forma, os clones selecionados apresentam potencial como genitores em cruzamentos, visando ao desenvolvimento de cultivares que combinem elevada produtividade e características de qualidade compatíveis com as exigências da indústria de processamento.

Conclusão

A seleção assistida por marcadores, permitiu identificar 49 clones superiores portadores do marcador Rx_1, com potencial como genitores de interesse para programas de melhoramento genético da batata, especialmente para o desenvolvimento de cultivares destinadas ao segmento de processamento industrial.

Referências

AHMADVAND, R.; WOLF, I.; GORJI, A.M.; POLGÁR, Z.; TALLER, J. Development of Molecular Tools for Distinguishing Between the Highly Similar Rx1 and Rx2 PVX Extreme Resistance Genes in Tetraploid Potato. **Potato Res.**, v. 56, n.4, p. 277–291, 2013. https://doi.org/10.1007/S11540-013-9244-Y

BRADSHAW, J. E. A Brief History of the Impact of Potato Genetics on the Breeding of Tetraploid Potato Cultivars for Tuber Propagation. **Potato Res.,** v. 65, n. 3, p. 461–501, 2022. https://doi.org/10.1007/S11540-021-09517-W

CARNEIRO, O.L.G.; RIBEIRO, S.R.R.; MOREIRA, C.M.; GUEDES, M.L.; LYRA, D.H.; PINTO, C.A.B.P. Introgression of the Rladg allele of resistance to potato leafroll virus in *Solanum tuberosum* L., **Crop Breed. Appl. Biotechnol**. v. 17, n. 3, p. 242–249, 2017. https://doi.org/10.1590/1984-70332017V17N3A37

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochem. Bull.**, v. 19, n. 1, p. 11-15, 1987.

FERNANDES FILHO, C.C.; ANDRADE, M.H.M.L.; MARÇAL, T.S.; FERNANDES, M.O.; BASTOS, A.J.R.; GUEDES, M.L.; RIBEIRO, S.R.R.; PINTO, C.A.B.P.; NUNES, J.A.R. Selection of potato clones for heat tolerance and resistance to potato viruses X and Y for processing purposes. **Crop Sci.**, v. 61, n. 1, p. 552–565, 2021 https://doi.org/10.1002/CSC2.20361

GILMOUR, A. R. Echidna Mixed Model Software. (Version 1.88) [Computer software]. Orange, NSW, 2024. Australia. https://www.echidnamms.org/

GUEDES, M.L.; PINTO, C.A.B.P.; RIBEIRO, G.H.M.R.; LYRA, D.H.; CARNEIRO, O.L.G. Combining abilities for agronomic traits and marker-assisted selection for Potato virus X and Potato virus Y resistance. **Genet. Mol. Res**., v. 15, n. 3, 2016. https://doi.org/10.4238/GMR.15038685

ISLAM, S.; LI, J.; ZHENG, J.; ZUO, Y.; ZOU, Y.; YU, T.; RAHMAN, M.A.; NIE, X.; FANG, Z.; LUO, T.; SONG, B.; NIE, B. Improving detection of potato virus X resistance genes Rx1 and Rx2 in tetraploid

potato using optimized PCR and KASP markers. **Hortic. Plant J.**, 2025. https://doi.org/10.1016/j.hpj.2025.01.014

KHAN, A.H.; HASSAN, M.; KHAN, M.N. Conventional Plant Breeding Program for Disease Resistance. In: UL HAQ, I., IJAZ, S. **Plant Disease Management Strategies for Sustainable Agriculture through Traditional and Modern Approaches**. Sustainability in Plant and Crop Protection, vol 13. Springer, Cham, 2020. https://doi.org/10.1007/978-3-030-35955-3_3

KUMAR, R.; TIWARI, R.K.; SUNDARESHA, S.; KAUNDAL, P.; RAIGOND, B. Potato Viruses and Their Management. In: CHAKRABARTI, S.K.; SHARMA, S.; SHAH, M.A. **Sustainable Management of Potato Pests and Diseases**, Springer, Singapore, 2022. https://doi.org/10.1007/978-981-16-7695-6_12

MILCZAREK, D.; PLICH, J.; TATAROWSKA, B.; FLIS, B. Early selection of potato clones with resistance genes: the relationship between combined resistance and agronomical characteristics. **Breeding Sci.**, v. 67, n. 4, p. 416–420, 2017. https://doi.org/10.1270/jsbbs.17035

MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. (1978). Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt. J. Genet. Cytol.**, v. 7, p. 40-51, 1978

PÁDUA, L.; RUEDA, M.A.; RIBEIRO, R.H.; BRICEÑO-PINZÓN, I.D.; BRANDÃO, M.; MIGUEL, L.A.; MARTÍNEZ, J.L.; MARTINS, V.S.; GONÇALVES, L.D.; RESENDE, M.F.R.; ANDRADE, M.H.M.; ZOTARELLI, L., CARNEIRO, V.Q.; SOUZA, L., MARÇAL, T. Integrating image-based phenotyping and marker-assisted selection to optimize the selection of potato clones for chipping and resistance to viruses X and Y. **Crop Sci.,** v. 66, p. e70285, 2026. https://doi.org/10.1002/csc2.70285

RIBEIRO, A.M.; PINTO, C.A.B.P.; ANDRADE, C.M.; SANTOS, J.B.; FIGUEIRA, A.R. SCAR marker for the selection of Ry-duplex potato clones inmmune to potato virus Y. **Crop Breed. Appl. Biotechnol**., v. 6, p. 1-8, 2006.

RIGNEAULT, H.; KUMAR, N.G.; COSSART, R.; SEPTIER, D.; BRÉVALLE-WASLILEWKI, G.; KUDLINSKI, A.; KASZAS, A. Review on epidemiology, sampling techniques, management strategies of late blight (*Phytophthora infestans*) of potato and its yield loss. **Asian J. Adv. Res.,** v. 4, n. 1, p. 199 –207, 2021. https://doi.org/10.34894/VQ1DJA

RUEDA, M.A.R.; BRICEÑO-PINZÓN, I.D.; MIGUEL, L.A; QUIÑONEZ, J.M.; PÁDUA, L.N.; RIBEIRO, R.H.L.; MARTINS, V.S.; SOUZA, L.; SILVA, A.L.; MARÇAL, T.S. Multivariate Analysis of Genetic Variability in Advanced Potato Clones Under Tropical Conditions. **Agric Res**., v. 15, n. 1, p. 158–167, 2026. https://doi.org/10.1007/s40003-025-00844-9

SCHIPPERS, P. A. The relationship between specific gravity and percentage dry matter in potato tubers. **Am. Potato J.**, v. 53, 111–122, 1976.

VERCHOT, J. Potato virus X: A global potato-infecting virus and type member of the *Potexvirus* genus. **Mol. Plant Pathol.,** v. 23, p. 315–320, 2022 https://doi.org/10.1111/mpp.13163

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) – Código de Financiamento 001, e pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).