

ÍNDICE DE PALESTRAS

IX Curso sobre Tecnologia de Produção de Sementes de Hortaliças 24 a 27 de agosto de 2009

RECURSOS GENÉTICOS E PRÉ-MELHORAMENTO DE HORTALIÇAS

Maria Aldete Justiniano da Fonseca Ferreira
Dra. em Genética e Melhoramento de Plantas
Pesquisadora da Embrapa Semi-Árido
aldete.fonseca@cpatsa.embrapa.br

Índice

[Introdução](#)

[Recursos Genéticos de Hortaliças](#)

[Pré-Melhoramento de Hortaliças](#)

[Pimentão e Pimentas – Capsicum](#)

[Melancia – Citrullus](#)

[Tomate - Lycopersicon](#)

[Bibliografia consultada](#)

Introdução

Os recursos genéticos conservados em bancos de germoplasma, fontes de variabilidade genética e de genes para os programas de melhoramento e biotecnológicos, normalmente são pouco utilizados devido a uma série de limitações como, por exemplo, falta de documentação, de descrição detalhada e de caracterização e avaliação dos acessos, o que acarreta em ausência de informações relevantes para os interessados. Se em uma vertente, existem os programas de recursos genéticos, cujas metas são enriquecer, conservar, caracterizar e documentar os bancos de germoplasma e em outra os programas de melhoramento genético e biotecnológicos, cuja finalidade, respectivamente é, desenvolver novas cultivares superiores às existentes no mercado e identificar novos genes e suas funções, é necessário se ter um programa diferenciado entre estes justamente para promover o uso dos acessos armazenados nos bancos de germoplasma. Dentro deste contexto se enquadram os programas de pré-melhoramento, os quais têm como objetivo principal disponibilizar genes úteis, oriundos de germoplasma exótico, populações não melhoradas e/ou cultivares obsoletas, para os programas de melhoramento genético e biotecnológicos, caracterizando-se como um elo de ligação entre os recursos genéticos e esses programas.

Certamente, com a execução de programas de pré-melhoramento novos valores são agregados aos recursos genéticos, visto que possibilita identificar genes e características de interesse; sintetizar populações base e linhagens recombinantes; estudar o comportamento *per se* e em cruzamentos dos acessos de germoplasma; estudar a herança de caracteres; definir novos padrões heteróticos e auxiliar no estabelecimento de coleções nucleares, entre outras finalidades.

Portanto, esse documento tem como finalidade discorrer sobre aspectos relacionados aos recursos genéticos de algumas hortaliças e suas relações com programas de pré-melhoramento.

Recursos Genéticos de Hortaliças

Recursos Genéticos Vegetais significam a variabilidade genética presente em espécies de plantas, integrantes da biodiversidade, que apresentem interesse social, econômico e/ou ambiental, atual

ou futuro, para uso em benefício da sociedade. Fazem parte dos recursos genéticos as espécies de parentes silvestres das plantas cultivadas, raças locais, linhagens, variedades obsoletas e populações experimentais, além de linhagens com características genéticas especiais, dentre outras.

Existem duas formas de conservar os recursos genéticos vegetais: *ex situ* e/ou *in situ*. A conservação *ex situ* consiste em manter a variabilidade de uma determinada espécie fora do local de origem, ao passo que na conservação *in situ* a variabilidade é mantida no local de ocorrência natural da espécie. Aqui, será descrito de forma resumida o acervo dos recursos genéticos de hortaliças que fazem parte do sistema de conservação *ex situ*. Isto porque a finalidade é demonstrar o uso dos recursos genéticos mantidos em bancos de germoplasma, ou seja, que estão disponíveis para os pesquisadores.

As principais modalidades de conservação *ex situ* são: coleção de base, coleção ativa, coleção de trabalho, coleção a campo, coleção *in vitro*, coleção em criopreservação, coleção nuclear e banco de DNA. No Brasil existem cerca de 126 bancos ativos de germoplasma, com cerca de 250 mil acessos conservados. Para se ter uma idéia, somente no Sistema de Curadoria coordenado pela Embrapa são 111 bancos ativos, 87 curadores de bancos de germoplasma e 22 Unidades envolvidas com atividades de recursos genéticos vegetais.

No caso das hortaliças, existe, na Embrapa cerca de 15 bancos ativos de germoplasma, entre eles os de Alho, Batata, Berinjela, *Capsicum*, Cebola, Cenoura e Cucurbitáceas. Já a Coleção de Base (Coleção de Base de Germoplasma Semente-COLBASE) está localizada na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Embrapa Cenargen). Nesta coleção o germoplasma é conservado a longo prazo em câmaras frias com temperaturas subzero (-20°C) conforme padrões internacionais de qualidade estabelecidos pelo Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI, 1994) com pequenas adaptações (Faiad et al., 1998). A documentação do acervo genético é feito por meio do Sistema Brasileiro de Recursos Genéticos (SIBRARGEN), destinado à informatização das informações dos recursos genéticos conservados *ex situ*.

Em relação aos recursos genéticos de hortaliças, atualmente na COLBASE são mantidos 9.704 acessos de germoplasma de 25 gêneros referentes a 40 produtos olerícolas (Tabela 1), correspondendo, aproximadamente, a 9% do acervo da Coleção de Base, atualmente com 108.000 acessos. Em três anos, o acréscimo de acessos de hortaliças na COLBASE foi de 2.945, ou seja, de 44%. Os gêneros *Cucurbita* (20%), *Pisum* (16%), *Lycopersicon* (15%) e *Phaseolus* (13%) apresentam o maior número de acessos conservados. Por outro lado, os gêneros *Asparagus*, *Beta*, *Physalis* e *Raphanus*, são os que apresentam o menor número de acessos (menos de 10). Além disto, dos 25 gêneros mantidos na COLBASE, dez estão representados por apenas uma espécie. Por outro lado, houve, em três anos acréscimos significativos no número de acessos de alguns gêneros, como por exemplo de 97% em *Lens*, 96% em *Luffa*, 95% em *Lactuca*, 94% em *Cicer*, 92% em *Brassica* e 90% em *Lagenaria*.

Entre 2006 e 2009 houve uma introdução considerável de espécies silvestres na COLBASE, a exemplo do gênero *Cucurbita*, com a introdução de 12 espécies silvestres. Em termos de número de espécies conservadas, o gênero *Pisum* é o que apresenta maior número, com 80 espécies diferentes, sendo que na categoria outras espécies tem-se 74, com número de acessos variando de 1 a 20 por espécie. Em seguida, se destaca os gêneros *Cucurbita* (19 espécies), *Brassica* (14 espécies), *Lycopersicon* (12 espécies), *Capsicum* (11 espécies) e *Solanum* (8 espécies) (Tabela 2).

Tabela 1. Acervo de recursos genéticos de hortaliças conservados a longo prazo no Brasil em 2006 e 2009.

Gênero/Espécie	Nome Popular	Número de Acessos
<i>Abelmoschus em 2006</i>	Quiabo	195

<i>Abelmoschus em 2009</i>	Quiabo	200
<i>Allium cepa</i>	Cebola	312
<i>Apium graveolens</i>	Aipo	26
<i>Asparagus officinalis</i>	Aspargo	1
<i>Beta vulgaris</i>	Beterraba	5
<i>Brassica em 2006</i>	-	61
<i>Brassica em 2009</i>	-	761
<i>Capsicum em 2006</i>	-	168
<i>Capsicum em 2009</i>	-	473
<i>Cicer arietinum em 2006</i>	Grão-de-Bico	1
<i>Cicer arietinum em 2009</i>	Grão-de-Bico	18
<i>Cichorium</i>	Chicoria	1
<i>Citrullus em 2006</i>	Melancia	44
<i>Citrullus em 2009</i>	Melancia	263
<i>Cucumis em 2006</i>	-	116
<i>Cucumis em 2009</i>	-	239
<i>Cucurbita em 2006</i>	-	1287
<i>Cucurbita em 2009</i>	-	1904
<i>Hibiscus sabdariffa em 2006</i>	Vinagreira	15
<i>Hibiscus sabdariffa em 2009</i>	Vinagreira	23
<i>Ipomoea</i>	-	127
<i>Lactuca sativa em 2006</i>	Alface	1
<i>Lactuca sativa em 2009</i>	Alface	21
<i>Lagenaria em 2006</i>	Cabaça	28
<i>Lagenaria em 2009</i>	Cabaça	279
<i>Lens culinaris em 2006</i>	Lentilha	1
<i>Lens culinaris em 2009</i>	Lentilha	41
<i>Luffa cylindrica em 2006</i>	Bucha	6
<i>Luffa cylindrica em 2009</i>	Bucha	141
<i>Lycopersicon em 2006</i>	Tomate	1234
<i>Lycopersicon em 2009</i>	Tomate	1440
<i>Physalis</i>	Camapu	2
<i>Pisum em 2006</i>	Ervilha	1539
<i>Pisum em 2009</i>	Ervilha	1567
<i>Raphanus sativus</i>	Rabanete	1
<i>Solanum em 2006</i>	-	511
<i>Solanum em 2009</i>	-	489
<i>Vicia faba em 2006</i>	Fava	160
<i>Vicia faba em 2009</i>	Fava	144
<i>Phaseolus lunatus em 2006</i>	Fava	917
<i>Phaseolus lunatus em 2009</i>	Fava	1226
Total em 2006		6759
Total em 2009		9704

Ao comparar o número de acessos e o número de gêneros e produtos hortícolas conservados na COLBASE, com as coleções de hortaliças conservadas em outros países (FAO, 1998) e nos Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs), verifica-se que esta coleção é pouco representativa diante da ampla variabilidade de hortaliças consumidas no Brasil e no mundo. Inclusive, algumas espécies olerícolas de importância alimentar não estão mantidas em condições de conservação a

longo prazo. Isso demonstra a necessidade de enriquecimento da COLBASE, seja por meio de introduções de acessos de espécies exóticas, seja através de coletas de germoplasma de espécies nativas ou naturalizadas no Brasil. Sabe-se que nas Coleções Ativas de outras Unidades da Embrapa bem como em outras instituições brasileiras, é mantido um maior número de acessos de germoplasma de olerícolas do que os que constam na COLBASE. Por questões de segurança e estratégia é de fundamental importância que esse germoplasma seja mantido em duplicata na Coleção de Base, garantindo a sua conservação a longo prazo.

As principais atividades do sistema de conservação *ex situ* são: introdução, intercâmbio, coleta, caracterização, avaliação, documentação e a própria conservação. Essas atividades têm como finalidade manter a variabilidade genética e disponibiliza-la para uso em programas de pré-melhoramento, melhoramento e de biotecnologia. No entanto, o simples fato dos acessos serem conservados em coleções ou bancos de germoplasma não significa que os mesmos estejam sendo utilizados. Aliás, é sabido que os recursos genéticos conservados em bancos de germoplasma são poucos utilizados (Duvick, 1984; Nass et al., 1993).

O uso limitado dos acessos disponíveis nos bancos de germoplasma se deve a uma série de fatores como a falta de documentação e descrição adequada das coleções de germoplasma; pouca disponibilidade de sementes; satisfação dos melhoristas com a variabilidade genética presente nos materiais elites; dificuldade de identificar genes potencialmente úteis e ausência de programas de pré-melhoramento. Por outro lado, o desenvolvimento de programas de melhoramento com base em poucos materiais tem como consequência o estreitamento da base genética das cultivares tornando-as mais vulneráveis geneticamente. Um exemplo de vulnerabilidade genética ocorreu com a cultura da batata levada da América para a Europa no século XVI, onde se tornou uma cultura com grande expressão especialmente na Irlanda. Em 1845, o fungo *Phytophthora infestans* causou uma grande epidemia destruindo praticamente todas as lavouras o que ocasionou a morte e a migração de milhões de pessoas. Naquela época, a base genética da batata era muito estreita, por isso os melhoristas introduziram vários materiais americanos nas coleções européias para evitar os efeitos catastróficos da uniformidade genética (Robinson, 1996).

Portanto, o desenvolvimento de programas de pré-melhoramento que tenham como finalidade identificar genes úteis nos recursos genéticos conservados em bancos de germoplasma pode contribuir consideravelmente para o emprego dos mesmos em programas de melhoramento e conseqüentemente para ampliar a base genética das cultivares e reduzir os riscos de vulnerabilidade genética.

Tabela 2. Algumas espécies de hortaliças conservados a longo prazo no Brasil.

Espécies	Número de Acessos	
	2006	2009
Brassica	61	761
<i>Brassica hirta</i> Moench.	3	3
<i>Brassica napus</i> L. var. <i>napobrassica</i> (L.) Rchb.	10	10
<i>Brassica napus</i> L.		560
<i>Brassica napus</i> L. var. <i>napus</i>		50
<i>Brassica napus</i> L. var. <i>oleifera</i> Delile		17
<i>Brassica oleracea</i> L. var. <i>botrytis</i> L.	25	25
<i>Brassica oleracea</i> L. var. <i>capitata</i> L.	13	31
<i>Brassica oleracea</i> L. var. <i>gemmifera</i> Zenker	2	2
<i>Brassica oleracea</i> L. var. <i>italica</i> Plenck	7	7
<i>Brassica rapa</i> L.		13
<i>Brassica rapa</i> L. var. <i>campestris</i> (Lam.) Briggs		2
<i>Brassica rapa</i> var. <i>dichotoma</i> (Roxb. ex Fleming) Kitam		19
<i>Brassica rapa</i> var. <i>trilocularis</i> (Roxb.) Kitam		21
<i>Brassica</i> sp.	1	1
Capsicum	168	473
<i>Capsicum annuum</i> L.	57	95
<i>Capsicum annuum</i> L. var. <i>annuum</i>		3
<i>Capsicum annuum</i> L. var. <i>glabriusculum</i> (Dunal) Heiser & Pickersgill		1
<i>Capsicum baccatum</i> L.	35	76
<i>Capsicum baccatum</i> L. var. <i>baccatum</i>		3
<i>Capsicum baccatum</i> L. var. <i>pendulum</i> (Willd.) Eshbaugh		9
<i>Capsicum baccatum</i> L. var. <i>praetermissum</i> (Heiser & P.G. Sm.) Hunz.		4
<i>Capsicum chinense</i> Jacq.	56	195
<i>Capsicum frutescens</i> L.	20	74
<i>Capsicum parvifolium</i> Sendtn.		1
<i>Capsicum</i> sp.		12
Cucurbita	1287	1904
<i>Cucurbita argyrosperma</i> C. Huber		86
<i>Cucurbita argyrosperma</i> C. Huber subsp. <i>sororia</i> (L. H. Bailey) L. Merrick & D.M. Bates		25
<i>Cucurbita argyrosperma</i> C. Huber var. <i>aryrosperma</i>		4
<i>Cucurbita argyrosperma</i> C. Huber var. <i>callicarpa</i>		3
<i>Cucurbita argyrosperma</i> C. Huber var. <i>palmeri</i>		17
<i>Cucurbita argyrosperma</i> C. Huber var. <i>stenosperma</i>		5
<i>Cucurbita ecuadorensis</i> C. H. C. Cutler & Whitaker		3
<i>Cucurbita ficifolia</i> Bouché	2	4
<i>Cucurbita foetidissima</i> H. B. K.		28
<i>Cucurbita lundelliana</i> L. H. Bailey		11
<i>Cucurbita maxima</i> Duchesne	487	508
<i>Cucurbita moschata</i> (Duch.) Duch. ex Poiret	765	1126
<i>Cucurbita moschata</i> x <i>C. maxima</i>	5	5
<i>Cucurbita okeechobeensis</i> (Small) L. H. Bailey subsp. <i>Martinezzi</i> (L. H. Bailey) T. W. Walters & D.S. Decker		8
<i>Cucurbita pepo</i> L.	9	15

<i>Cucurbita pepo</i> L. subsp. <i>fraterna</i>		4
<i>Cucurbita pepo</i> L. var. <i>melopepo</i> (L.) Harz	4	4
<i>Cucurbita pepo</i> L. var. <i>texana</i>		24
<i>Cucurbita</i> sp.	15	24
<i>Lycopersicon</i>	1234	1440
<i>Lycopersicon chilense</i> Dunal	1	1
<i>Lycopersicon chmielewskii</i> C. M. Rick et al.		1
<i>Lycopersicon esculentum</i> Mill.	1082	1269
<i>Lycopersicon esculentum</i> Mill. var. <i>cerasiforme</i> (Dunal) A. Gray	53	55
<i>Lycopersicon esculentum</i> x <i>L. pimpinellifolium</i>	3	3
<i>Lycopersicon hirsutum</i> f. <i>glabratum</i> Hum. & Bompl.	4	6
<i>Lycopersicon hirsutum</i> Humb. & Bonpl.	5	12
<i>Lycopersicon parviflorum</i> C. M. Rick et al.	1	1
<i>Lycopersicon peruvianum</i> (L.) Mill.	38	44
<i>Lycopersicon peruvianum</i> (L.) Mill. var. <i>dentatum</i> (Dunal) Dunal	2	2
<i>Lycopersicon pimpinellifolium</i> (L.) Mill.	12	13
<i>Lycopersicon</i> sp.	33	33
<i>Pisum</i>	1539	1567
<i>Pisum sativum</i> L.	507	540
<i>Pisum sativum</i> L. s. l. subsp. <i>sativum</i> convar. <i>medullare</i> Alef	188	188
<i>Pisum sativum</i> L. ssp. <i>sativum</i>	394	394
<i>Pisum sativum</i> ssp. <i>sativum</i> convar. <i>axiphium</i>	83	83
<i>Pisum sativum</i> ssp. <i>sativum</i> convar. <i>sativum</i>	97	97
<i>Pisum sativum</i> ssp. <i>sativum</i> convar. <i>speciosum</i>	81	81
Outras subespécies	189	184
<i>Solanum</i>	511	489
<i>Solanum americanum</i> Mill.		1
<i>Solanum commersonii</i> ssp. <i>commersonii</i>	48	33
<i>Solanum commersonii</i> ssp. <i>malmeanum</i>	4	4
<i>Solanum melongena</i> L.	268	266
<i>Solanum quitoense</i> Lam.	1	1
<i>Solanum sessiliflorum</i> Dunal		1
<i>Solanum tuberosum</i> L.	12	12
<i>Solanum</i> sp.	178	171

Pré-Melhoramento de Hortaliças

A primeira etapa em um programa de pré-melhoramento é identificar genes e/ou características de interesse em germoplasma exótico ou em populações que não foram submetidas a processo de melhoramento (parentes silvestres e raças locais). Dessa forma, é fundamental que o acervo genético disponível seja avaliado para as características de importância como, por exemplo, resistência a estresses bióticos e abióticos e valor nutricional. Nessa etapa, a simples caracterização dos acessos de germoplasma, por exemplo, com a inoculação de uma amostra representativa com um determinado fungo ou a avaliação para teores de carotenóides, pode ser empregado. No entanto, técnicas mais sofisticadas de mapeamento genético e físico também podem ser utilizadas para identificar o gene de interesse.

A segunda etapa está relacionada à síntese de novas populações base para serem submetidas a processos de seleção, ou seja, incorporar os genes e/ou características de interesse em materiais elites agronomicamente adaptados. Para tanto, várias metodologias tem sido empregadas, incluindo as convencionais de melhoramento e técnicas baseadas no DNA recombinante. No entanto a metodologia mais adequada depende de uma série de fatores como do número de

genes que controlam a característica, da herdabilidade do caráter, do ambiente de avaliação, da facilidade de realizar cruzamentos e de técnicas ou protocolos disponíveis caso seja necessário o uso da biotecnologia. Entre as metodologias convencionais pode-se citar o método do retrocruzamento, eficiente quando um ou poucos genes controlam a característica de interesse e a seleção recorrente intra ou interpopulacional, quando se deseja ampliar a base genética. Entretanto, se o acesso de germoplasma já é adaptado, caso de variedades crioulas com boas características agrônômicas, uma simples seleção massal pode também ser eficaz. No caso das técnicas baseadas em DNA recombinante, os genes são transferidos por biolística, eletroporação e plasmídeo Ti derivado de *Agrobacterium tumefaciens*. A seleção assistida por marcadores moleculares também se destaca por possibilitar uma identificação mais rápida dos genes ou características de interesse no germoplasma, contribuindo para acelerar o processo de síntese de populações base para serem utilizados nos programas de melhoramento.

A seguir serão descritos alguns exemplos de programas de pré-melhoramento de algumas hortaliças.

Pimentão e Pimentas – Capsicum

O Brasil é um Centro de Diversidade do Gênero *Capsicum*, onde estão presentes quatro espécies domesticadas (*C. annuum* var. *annuum*, *C. baccatum* var. *pendulum*, *C. chinense* e *C. frutescens*), três espécies semi-domesticadas (*C. annuum* var. *glabriusculum*, *C. baccatum* var. *praetermissum* e *C. baccatum* var. *baccatum*), além de oito espécies silvestres. Consciente dessa ampla diversidade genética nacional, a Embrapa Hortaliças, em 1980, iniciou um programa de recursos genéticos e melhoramento de *Capsicum* com a finalidade de resgatar as espécies silvestres com risco de extinção; enriquecer a coleção com a coleta e intercâmbio de germoplasma; caracterizar (morfológica, citológica e molecular) os acessos de germoplasma da coleção; avaliar os acessos para resistência às principais doenças; incorporar a resistência a doenças em populações do programa de melhoramento e avaliar a estabilidade da resistência em diferentes sistemas de cultivo. Por conta da ampla variabilidade genética presente nas espécies domesticadas, os programas de melhoramento tem utilizado essas espécies ao invés das espécies semi-domesticadas e silvestres. No entanto, iniciativa nesse sentido vem sendo realizada e atualmente esta em condução um programa de pré-melhoramento de espécies autóctones que incluem o gênero *Capsicum*. O principal objetivo desse projeto é identificar fontes de resistência à murcha-de-phytophthora, mancha-bacteriana, tospovirus e potyvirus em espécies silvestres e semi-domesticadas e promover a introgressão desses genes em espécies domesticadas. Além da resistência a doenças, os programas de pré-melhoramento e melhoramento também contemplam as seguintes características: produtividade; arquitetura da planta; precocidade; resistência a doenças; cor, pungência, sabor, aroma, formato e tamanho do fruto; espessura da polpa e perda de peso pós-colheita.

Melancia – Citrullus

No gênero *Citrullus*, nativo da África, estão incluídas quatro espécies diplóides: *Citrullus lanatus*, *C. colocynthis*, *C. ecirrhosus* e *C. rehmii*. A melancia cultivada (*C. lanatus*) apresenta grande distribuição em todo o mundo e é considerada cosmopolita. No Brasil, foi introduzida em duas épocas e situações distintas. A primeira aconteceu durante o Brasil Colônia com o tráfico de escravos (1551-1857), quando foram trazidos materiais, de base genética ampla, cultivados por pequenos agricultores em diferentes regiões da África (Romão, 1995). A outra introdução ocorreu na década de 50, quando foram introduzidos, dos Estados Unidos no Estado de São Paulo, germoplasma de melancia de base genética mais estreita, uma vez que era resultante de programas de melhoramento deste país.

A variabilidade genética introduzida no nordeste brasileiro pelos africanos tem sido ampliada em virtude da ocorrência de fatores evolutivos aliados à seleção artificial praticada pelos agricultores

tradicionais e às hibridizações que ocorrem entre populações cultivadas e populações sub-espontâneas resultantes da germinação de sementes dormentes. Além disto, o sistema de cultivo praticado no nordeste, livre de insumos, propicia uma interessante pressão de seleção. Desse modo, esse germoplasma constitui importante fonte para programas de pré-melhoramento especialmente pela possibilidade de existir germoplasma mais adaptado e com resistência genética às pragas que ocorrem no Brasil. De fato, já foram identificadas, no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Semi-Árido, fontes de resistência ao oídio, a micosferela e aos vírus PRSV-w (*Papaya ringspot virus – Type watermelon*), ZYMV (*Zucchini yellow mosaic virus*) e WMV (*Watermelon mosaic virus*), assim como variabilidade para prolificidade, precocidade, expressão sexual e para formato, tamanho, cor externa e interna e teor de sólidos solúveis dos frutos (Borges 1997; Dias et al. 1996; Ferreira 1996; Ferreira et al. 2002; Queiroz 1993, 1998; Queiroz et al. 1999; Romão 1995).

Sendo assim, programas de pré-melhoramento com diferentes objetivos têm sido conduzidos, inclusive visando a introgressão de genes de resistência a doenças e qualidade de frutos. Ferreira (1996), ao avaliar acessos de germoplasma e híbridos entre estes e cultivares comerciais, indicou alguns materiais potenciais para programas de pré-melhoramento, como o acesso B13 para precocidade e P14 e B9 para maior número de frutos por planta e menor peso de frutos. Além destes, populações base oriundas dos cruzamentos entre P14 e Crimson Sweet; B9 e Crimson Sweet; B9 e New H. Midget; Crimson Sweet e B13; New H. Midget e P14; New H. Midget e B13 podem originar linhagens transgressivas que combinem diferentes características de interesse como maior produtividade, precocidade, alto teor de sólidos solúveis e polpa vermelha.

Dando seguimento, Ferreira (2000) estudou a população base oriunda do cruzamento entre P14 e Crimson Sweet (população PCS) com o objetivo de estimar a taxa de fecundação cruzada natural e o coeficiente de endocruzamento; averiguar a variabilidade genética existente nessa população pela análise de progênies de polinização livre (PL) e progênies autofecundadas (AF); estimar a depressão endogâmica; indicar progênies com potencial genético para serem exploradas em programas de melhoramento; investigar a adequação de modelos genéticos empregados na estimação dos componentes da variância genética e estimar o progresso genético. Da população PCS foram obtidas 64 progênies PL e as correspondentes progênies AF, as quais foram avaliadas em campo, de acordo com o delineamento em faixas, com três repetições e cinco plantas por parcela. As progênies foram avaliadas em relação aos caracteres: estande final (S); produção de frutos por planta (PP); peso de frutos (PF); número de frutos por planta (NF); cor (CP) e teor de sólidos solúveis (TS) da polpa; diâmetro longitudinal (DL), diâmetro transversal (DT) e formato (FO) do fruto; espessura da polpa (EP); número de sementes (NS) e peso de cem sementes (PS) por fruto.

As estimativas da taxa de fecundação cruzada (t_s e t_m) e do coeficiente de endocruzamento (F), foram obtidas pela análise de nove locos marcadores RAPD em doze progênies PL constituídas cada uma por vinte e três indivíduos. De acordo com estes parâmetros populacionais ($\hat{t}_m = 0,765 \pm 0,056$ e $\hat{F} = 0,091 \pm 0,079$), verificou-se que a população PCS pratica sistema misto de reprodução, sendo mais próxima da alogamia. Tal fato viabiliza a utilização de seleção recorrente com recombinações naturais. As estimativas dos homólogos dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias das progênies PL, bem como das correlações genéticas entre estas últimas e as progênies AF, indicaram que a seleção poderá ser efetuada apenas com base nas médias fenotípicas das progênies PL. Isso facilitará a condução de um programa de seleção recorrente com esta população. A depressão endogâmica observada, em termos médios, não foi tão drástica como em populações de espécies tipicamente alógamas. Entretanto, os efeitos depressivos variaram entre as progênies, indicando a possibilidade de selecionar progênies agronomicamente boas e com pouca depressão. A maioria das progênies foi superior às testemunhas em relação aos caracteres PP, NF e PF, porém inferior em relação aos caracteres CP e TS. Mesmo assim foi possível identificar algumas progênies que agregaram, simultaneamente, caracteres desejáveis

como CP vermelha, TS superior a 8°Brix e PP acima de 17 kg. Verificou-se que essa população apresenta alto potencial para o melhoramento, inclusive para obtenção de linhagens.

Atualmente alguns programas de pré-melhoramento estão em andamento que tem como finalidade avaliar acessos de germoplasma para resistência a insetos-praga (tripes, pulgão, mosca-branca e lagarta minadora) e a doenças (oídio, micosferela, mancha aquosa, viroses), bem como fazer a introgressão dessas resistências em materiais elites do programa de melhoramento.

Tomate - *Lycopersicon*

O tomate, sem dúvida, pode ser considerado a única planta que mais benefícios herdou dos seus parentes silvestres. Conforme Young & Tanksley (1989), a maioria dos genes de resistência a doenças foi introduzida no tomate por meio de cruzamentos entre *Lycopersicon esculentum* com espécies silvestres. A espécie *L. peruvianum* é a que apresenta maior variabilidade genética e serve de fonte para genes de resistência a doenças, pragas e nematóides, além de alto teor de vitamina C. Nela já foi identificada resistência a *Septoria lycopersici*, *Cladosporium fulvum*, *Meloidogyne* spp., *Pyrenochaeta terrestris*, vírus-do-mosaico-do-fumo (TMV), geminivirus, vírus-do-mosaico-do-pepino (CMV), broto crespo (CTV), mosaico (potyvirus), vira-cabeça (TSWV) e traça-do-tomateiro (Lourenção et al., 1984). Outras fontes de germoplasma do gênero *Lycopersicon* podem ser conferidas na Tabela 3. A Embrapa Hortaliças possui um banco ativo de germoplasma composto por 1.200 acessos, sendo que a maioria já foi caracterizada para resistência a nematóides, viroses (tosporvirus, geminivirus e ToMV), bacteriose (pinta-bacteriana, mancha-bacteriana e murcha-bacteriana) e doenças fúngicas (fusário, estenfilio, verticílio, alternária e fitóftora). Tais acessos têm sido utilizados nos programas de melhoramento que já resultaram em uma série de cultivares resistentes.

Tabela 3. Parentes silvestres e características de interesse para o pré-melhoramento do tomate.

Fonte	Caracteres de Interesse
<i>Lycopersicon peruvianum</i>	Resistência a várias doenças e pragas; rica fonte de vitamina C.
<i>Lycopersicon pennellii</i>	Resistência a seca; aumenta teores de vitaminas A e C e de açúcares.
<i>Lycopersicon pimpinellifolium</i>	Resistência a doenças, menor acidez, cor intensa, maior conteúdo de vitaminas e sólidos solúveis.
<i>Lycopersicon esculentum</i> var. <i>cerasiforme</i>	Resistência a altas temperatura e umidade, a fungos que atacam as folhas e raízes.
<i>Lycopersicon chmielewskii</i>	Intensidade da cor do fruto e alto teor de açúcar.
<i>Lycopersicon chilense</i>	Resistência a seca.
<i>Lycopersicon chesmanii</i>	Tolera a água do mar e pedúnculos sem articulações.
<i>Lycopersicon hirsutum</i>	Resistências a insetos, ácaros, vírus e outras doenças; tolerância ao frio
<i>Lycopersicon parviflorum</i>	Intensidade na cor dos frutos e altos teores de sólidos solúveis.

Fonte: Hoyt (1992).

Considerações Finais

Apesar dos recursos genéticos serem as matérias-primas dos programas de melhoramento, os mesmos são ainda poucos utilizados nestes por uma série de fatores relatados anteriormente. Além disso, no caso das hortaliças, foi visto que, na maioria dos casos, os bancos de germoplasma, principalmente de conservação a longo prazo, precisam ser enriquecidos seja por

meio da coleta ou da introdução de novos acessos. No entanto, para proporcionar o uso do germoplasma conservado nos bancos é preciso que os mesmos sejam devidamente caracterizados e avaliados para características de interesse e que tais informações sejam devidamente documentadas e disponibilizadas. Sendo assim, a condução de programas de pré-melhoramento que visem a identificação de genes e/ou características de interesse para os programas de melhoramento genético e biotecnológicos, poderá contribuir sobremaneira para permitir o uso do germoplasma conservado. Quando se afirma que os programas de pré-melhoramento também visam atender a programas biotecnológicos, deve-se ao fato de que populações segregantes para características de interesse, podem ser empregadas para diversas finalidades como, por exemplo, para o mapeamento genético e físico dessas características tentando identificar marcadores moleculares associadas às mesmas. Lopes et al. (2005), inclusive, abordam uma mudança de paradigma nos processos de acesso, caracterização, conservação e uso dos recursos genéticos relacionada aos avanços da biotecnologia. Afirmam que os avanços recentes da genômica abrem possibilidades para estudos detalhados de funções biológicas importantes, para os quais organismos devidamente caracterizados são essenciais. Dentro dessa concepção, a formação de Bancos de Caracteres torna-se de relevante importância. Os Bancos de Caracteres seriam formados e organizados por padrões contrastantes sejam na forma de populações, linhagens ou outros genótipos de interesse que são essenciais para a obtenção de progênies recombinantes F_2 , F_3 , F_4 , retrocruzamentos na direção dos dois genitores e conjuntos de linhas recombinantes. Sendo assim, a formação de coleções de recombinantes contribuirá para os estudos de caracteres complexos por meio dos recursos biotecnológicos disponíveis (Lopes et al., 2005).

Bibliografia consultada

- BORGES, R.M.E. **Estudo da herança da resistência ao oídio *Sphaerotheca fuliginea* (Schelecht. ex fr.) Poll em melancia *Citrullus lanatus* Thunb. Mansf.** Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Pernambuco. Recife, Pernambuco. 46 p. 1997.
- DIAS, R. de C. S.; Queiroz, M. A. de ; Menezes, M. Fontes de resistência em melancia a *Didymella bryoniae*. **Horticultura Brasileira**, v. 14), n. 1, p.15 –18, 1996.
- DUVICK, D.N. Genetic diversity in major farm crops on the farm and in reserve. **Economic Botany**, v.38, p.161-178, 1984.
- FAIAD, M. G. R. ; SALOMÃO, A. N. ; FERREIRA, F. R.; GONDIM, M. T. P; WETZEL, M. M. V. S.; MENDES, R. A. GOES, M; MIRANDA, A. R. de. **Manual de Procedimentos para conservação de germoplasma semente a longo prazo na Embrapa**. Brasília: Embrapa, 1998. 21p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Documentos 30).
- FAO. **The state of the world's plant genetic resources for food and agriculture**. Rome: Food and Agriculture Organization of United Nations. 510p. 1998.
- FERREIRA, M. A. J. da F. **Sistema reprodutivo e potencial para o melhoramento genético de uma população de melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai**. Ph.D. Diss. Universidade de São Paulo, Piracicaba, Brasil. 2000.
- FERREIRA, M. A. J. da F., QUEIRÓZ, M. A., VENCOSKY, R., BRAZ, L. T., VIEIRA, M. L. C., BORGES, R. M. E. Sexual expression and mating system of watermelon: implications in breeding programs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, n. 1, p. 39 – 48, 2002.
- FERREIRA, M.A.J. da F. **Análise dialéctica em melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.** Dissertação de Mestrado. Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária de Jaboticabal. Jaboticabal, São Paulo. 83p. 1996.
- HOYT, E. **Conservação dos parentes silvestres das plantas cultivadas**. Wilmington: Addison-Wesley Iberoamericana. 52p. 1992.
- IPGRI. **Genebanks standards**. Rome. International Plant Genetic Resources Institute, 13 p. 1994.

- LOPES, M.A.; NASS, L. L.; MELO, I. S. de. Bioprospecção. **Biotecnologia, Ciência e Desenvolvimento**, n. 34, p. 29-35, 2005.
- LOURENÇÃO, A. L.; NAGAI, H.; ZULLO, M.A.T. Fontes de resistência a *Scrobipalpus absoluta* (Meyrick, 1917) em tomateiro. **Bragantia**, Campinas, v. 43, p. 569-577, 1984.
- NASS, L.L.; PELLICANO, I.J.; VALOIS, A.C.C. Utilization of genetic resources for maize and soybean breeding in Brazil. **Brazilian Journal of Genetics**, v.16, p.983-988, 1993.
- QUEIRÓZ, M. A. Cucurbitáceas no semi-árido do Nordeste brasileiro: resgate, conservação e uso. p.1-12. In: Encontro sobre Temas de Genética e Melhoramento, 15. Piracicaba, São Paulo. **Resumos**. 1998.
- QUEIRÓZ, M. A. de. Potencial do Germoplasma de Cucurbitáceas no Nordeste Brasileiro. **Horticultura Brasileira**, v. 11, n. 1, p. 7-9, 1993.
- QUEIRÓZ, M.A. de; DIAS, R. de C.S.; SOUZA, F. da F; FERREIRA, M.A.J. da F.; ASSIS, J.G. de A.; BORGES, R.M.E.; ROMÃO, R.L.; RAMOS, S.R.R.; COSTA, M.S.V.; MOURA, M. de C.C.L. Recursos genéticos e melhoramento de melancia no nordeste brasileiro. In: M.A. de Queiróz; C.O.Goedert; S.R.R. Ramos. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro** (on line). Versão 1.0. Embrapa Semi-Árido, Petrolina. Home page:\www.cpatia.embrapa.br. 1999.
- ROBINSON, R.A. **Return to resistance – breeding crops to reduce pesticide dependence**. Davis: agAccess, 1996. 480p
- ROMÃO, R. L. **Dinâmica evolutiva e variabilidade de populações de melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai em três regiões do Nordeste brasileiro**. Dissertação de Mestrado. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Piracicaba, São Paulo. 75p. 1995.
- YOUNG, N. D.; TANKSLEY, S. D. RFLP analysis of the size of chromosomal segments retained around the Tm-2 locus of tomato during backcross breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 7, p. 53-359, 1989.

[TOPO](#)