
CAPÍTULO 2

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FRUTEIRAS POTENCIAIS PARA O NORDESTE BRASILEIRO

Simone Alves Silva, Ana Cristina Vello Loyola Dantas,
Maria Angélica Pereira de Carvalho Costa, Claudia Fortes Ferreira
& Antonio Augusto Oliveira Fonseca

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FRUTEIRAS POTENCIAIS PARA O NORDESTE BRASILEIRO

20.27862

Simone Alves Silva¹; Ana Cristina Vello Loyola Dantas¹; Maria Angélica Pereira de Carvalho Costa¹; Claudia Fortes Ferreira²; Antonio Augusto Oliveira Fonseca¹

¹Professor - Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas/UFRB, Cruz das Almas-BA. E-mail: sas@ufrb.edu.br; acloyola@ufrb.edu.br; mapcosta@ufrb.edu.br

²Pesquisador - Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Cruz das Almas-BA. E-mail: cfferreira@cnpmf.embrapa.br

INTRODUÇÃO

Tendo em vista a grande diversidade de fruteiras adaptadas às condições agroecológicas do Nordeste brasileiro, é necessário reconhecer a existência de algumas espécies com potencial para a conquista do mercado interno, para a exportação e também para a diversificação agrícola. A evolução econômica e a demanda dos mercados reforçam hoje o interesse dos países latinoamericanos para as frutas em geral. Não apenas a geração de divisas para o país e a diversificação regional devem ser consideradas, mas também a necessidade de se preservar e conservar espécies nativas ou bem adaptadas à região e que emergem como alternativas para o cultivo sustentável. Neste contexto, distintas culturas, como por exemplo a mangaba, o jenipapo, a jaca, o umbu, a pinha, a cajá, dentre outras, surgem como potencialmente interessantes para o Nordeste brasileiro. Investir no melhoramento e na conservação destas fruteiras proporciona uma importante alternativa agrícola ecologicamente eficiente e competitiva para o Estado da Bahia.

Dentre as possibilidades atuais de utilização das fruteiras do Nordeste destacam-se: o plantio em áreas de proteção ambiental; o enriquecimento da flora das áreas mais pobres; a recuperação de áreas desmatadas ou degradadas; a formação de pomares domésticos e comerciais e o plantio em áreas de reflorestamento, parques e jardins e em áreas acidentadas. Nesse sentido, muitos agricultores e chacareiros já estão implantando pomares de frutas nativas e exóticas e os viveiristas estão intensificando a produção de mudas.

Existem muitas limitações para a exploração comercial de fruteiras potenciais para o Nordeste brasileiro, já que as espécies ainda não foram domesticadas e vêm sendo exploradas de forma desorganizada. Caracterizar, identificar e preservar genótipos promissores, além de intensificar o melhoramento das espécies são estratégias necessárias para incluí-las como alternativas viáveis para exploração racional.

As plantas frutíferas englobam grande quantidade de espécies, com considerável diversidade quanto ao modo de reprodução, período juvenil, ciclo da planta e aos métodos de propagação. São geralmente perenes e lenhosas, alógamas e predominantemente de propagação sexuada.

Geralmente um Programa de Melhoramento de espécies pouco conhecidas inicia-se com a coleta, caracterização, avaliação de germoplasma e posterior seleção de genótipos mais promissores para serem utilizados como clones ou para etapas seguintes do melhoramento genético. Esta fase é conhecida como Pré-Melhoramento, ou *pre-breeding*, com ampla expectativa de progressos genéticos obtidos por meio do conhecimento da variabilidade genética, possibilitando o melhor direcionamento dos cruzamentos e desta forma, aumentando a frequência de combinações alélicas desejáveis na população.

Em virtude da alta variabilidade genética que comumente está disponível no seu *habitat* natural e da insuficiência de informações para definição de critérios de seleção, serão considerados neste capítulo alguns descritores utilizados para atender à caracterização da maioria das fruteiras.

DESCRITORES MORFOLÓGICOS

A caracterização morfológica consiste na anotação de descritores botânicos facilmente visíveis ou mensuráveis, tomando-os marcadores fenotípicos e que a princípio podem ser expressos em todos os ambientes. Estes marcadores são bastante acessíveis e variam em função do destino que será dado ao produto final e às diretrizes do programa de melhoramento genético.

A caracterização de genótipos constitui uma das principais etapas dos trabalhos com germoplasma, pois permite indicar cultivares com potencial de uso imediato pelos agricultores, bem como identificar acessos que apresentem características interessantes para o melhoramento. Neste sentido, o conhecimento das características físicas e químicas dos frutos pode contribuir para a seleção de tipos promissores e desejáveis ao estabelecimento de cultivares.

Os descritores morfológicos são ainda hoje o "cartão de apresentação" de uma nova variedade. Estes têm tido papel fundamental na divulgação das características agrônômicas de novos materiais genéticos e podem influenciar decisivamente na escolha de variedades por parte de agricultores e outros interessados. Quando se trata da distinguibilidade exigida pela Lei de proteção de cultivares, contudo, os descritores morfológicos apresentam limitações, especialmente na distinção de genótipos elites aparentados. Em culturas de base genética estreita, eles podem muitas vezes não distinguir adequadamente cultivares comerciais (Pecchioni et al., 1996).

Diversas fruteiras tropicais nativas e adaptadas têm sido caracterizadas em programas desenvolvidos no Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas da UFRB, a exemplo de jenipapeiro, jaqueira, cajazeira, mangabeira e pinheira.

Jenipapeiro (*Genipa americana* L.)

O jenipapeiro é uma espécie alógama. O melhoramento desta espécie está voltado basicamente para a obtenção de frutos com menor cavidade interna, possibilitando um maior rendimento de polpa, melhor características organolépticas como cor, sabor e aroma, além da composição química do fruto como maior vitamina C, açúcares totais, pH e acidez titulável, a depender do destino no mercado consumidor (*in natura* ou industrialização), entre outros.

Os trabalhos de caracterização morfológica do jenipapeiro iniciaram em 1998, com a coleta de 30 genótipos no município de Cruz das Almas, visando identificar e indicar constituições genéticas úteis para a continuidade do melhoramento e/ou produzir matrizes para serem propagadas vegetativamente. Os frutos apresentaram formato ligeiramente alongado, com massa de 218,96 g, compostos por 60,84% de polpa, 5,27% de casca e 33,88% de sementes. A análise da polpa revelou um teor médio de 18,34° Brix, pH de 3,60, acidez total titulável (ATT) de 1,66%, 8,03% e 15,69% de glicídios redutores e totais, respectivamente, umidade de 73,75%, 1,22% de cinzas e relação SST/ATT de 11,58, detectando-se variabilidade para a maioria dos caracteres. Sendo assim, estes resultados permitiram a identificação de genótipos promissores, por apresentar frutos com massa acima de 200 g, boa percentagem de polpa, °Brix elevado e balanceamento organoléptico equilibrado, confirmando o potencial da fruteira tanto para consumo *in natura* como para industrialização (Santos, 2001).

Hansen (2006), avaliando 100 genótipos do Recôncavo Baiano, encontrou valores médios de massa do fruto de 261,11 g, rendimento de 85,19%, diâmetro longitudinal e transversal de 80,84 mm, sólidos solúveis totais de 17,18 °Brix, vitamina c de 2,76 mg 100 g⁻¹ e acidez total titulável de 1,40%, observando-se variabilidade nas plantas de jenipapeiro dentro e entre populações. Assim, a busca por constituições genéticas que agreguem atributos como maiores massa do fruto, rendimento em polpa e diâmetros longitudinal e transversal; elevados conteúdos de sólidos solúveis totais e vitamina C (para consumo *in natura*) e alta acidez total titulável (para industrialização), proporcionarão um maior progresso, com a seleção de genótipos que poderão ser indicados como cultivares comerciais.

Jaqueira (*Artocarpus heterophyllus* Lam.)

Com relação à cultura da jaqueira, estudo de caracterização foi realizado por Lordêlo (2001). Foram avaliados 30 genótipos de jaqueira em nove frutos por planta num total de 270 frutos, através dos caracteres físicos como massa do fruto (4,72 kg), comprimento do fruto (28,82 cm), diâmetro do fruto (19,89 cm), massa da polpa (1,44 kg), massa do bagunço (5,13 cm), espessura da casca (0,75 cm), número de sementes normais e anormais (105,90 e 14,24, respectivamente), número total de bagos (120,14), massa da semente (495,27 g) e massa da casca (2,37 kg). O percentual de polpa encontrado foi de 30,49%, inferior ao da casca (50,26%), a semente representou 10,50% do fruto e o bagunço 8,74%. Quanto aos caracteres químicos, a jaca apresentou valores médios de 25,81° Brix, pH de 5,01, acidez titulável total (ATT) de 0,31% de ácido cítrico, 6,67%, 12,44% e 19,11% de glicídios redutores, não redutores e totais, respectivamente; umidade de 73,58%, 0,86% de cinzas e 86,19 para a relação SST/ATT, observando-se variabilidade para a maioria dos caracteres. Foram identificadas plantas com interesse para o processamento e/ou industrialização e para consumo *in natura*, sendo os caracteres massa do fruto e percentagem de polpa, mais importantes para a seleção de genótipos promissores. Por suas qualidades organolépticas, a jaca pode representar um potencial econômico, social e alimentício a ser explorado, constituindo-se numa alternativa ao incremento da renda familiar além de oferecer aos pequenos e micro industriais, opções de investirem no processamento de doces, sucos, compotas, licores etc.

Cajazeira (*Spondias lutea* L.)

A caracterização morfológica de 30 genótipos de cajazeira em 10 frutos por planta foi realizada por Pinto (2002). Foram avaliados caracteres como massa do fruto, percentual de polpa, de casca e de semente e caracterização físico-química e física de frutos como pH, SST, ATT, vitamina C, SST/ATT, rendimento industrial, massa total do fruto, massa da semente, massa da casca, massa da polpa, rendimento de polpa e coloração de polpa. Foi verificada ampla variabilidade genética nas populações estudadas o que propicia a coleta de genótipos para futuros trabalhos de melhoramento e montagem de coleções e/ou bancos de germoplasma.

Mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes)

Expedições de coletas de 100 genótipos de mangaba em quatro regiões da Bahia, incluindo os municípios de Iramaia, Conde, Ouriçangas e Nova Soure, mostraram comportamento diferenciado entre as plantas dentro da população em relação a caracteres físicos e físico-químicos, evidenciando uma alta variabilidade genética entre os genótipos. Nas distintas regiões avaliadas foi verificada ausência de pressão de seleção dentro das populações o que possibilitou a ocorrência desta variabilidade, independente da distância geográfica. Destas análises, distintos genótipos foram identificados como superiores quanto a características físicas, químicas e físico-químicas com alto teor de vitamina C, em torno de 113,07 mg; teor de ácido ascórbico/100g de polpa em frutos maduros (2,21%), teor de sólidos solúveis totais (15,82 °Brix), massa do fruto (35,76 g), diâmetros transversal (38,49 mm) e longitudinal (41,95 mm) e massa da polpa (33,84 g), sendo esta última característica como a mais promissora para um melhor desempenho da mangabeira, por representar a maior procura tanto no mercado *in natura* quanto para industrialização. Desta forma, é possível estabelecer coleções biológicas organizadas, com ampla base genética, desprovidas de duplicatas desordenadas para o melhor acompanhamento do desempenho desta espécie, dos cruzamentos controlados e do ajuste ao ambiente avaliado, visando sua adaptabilidade e estabilidade e posterior lançamento de variedades (Cruz, 2005).

Os descritores morfológicos de folhas, flores, frutos e sementes de mangabeira também foram aplicados, visando principalmente estabelecer subsídios teóricos de taxonomia, como aporte ao programa de melhoramento genético de mangabeira. As plantas apresentaram folhas com limbo foliar de forma lanceolada do tipo oblongo-lanceolado, caracterizado por ápice e bases quase iguais sendo que o primeiro é ligeiramente agudo. As nervuras das folhas apresentaram-se de forma penivênias do tipo obliquivênias, sendo a margem do limbo lisa. Além disso, constatou-se que a filotaxia é do tipo oposta dística, em virtude de partirem duas folhas do mesmo nó, em sentidos opostos e no mesmo plano de inserção. O estudo da morfologia foliar, bem como de outras características botânicas serão fundamentais para caracterizar a diversidade de variedades que ocorrem na região estudada (Sousa et al., 2004).

Pinheira (*Annona squamosa* L.)

Visando identificar materiais de interesse para utilização em sistemas de cultivo e em programas de melhoramento genético, foram caracterizados 30 genótipos de pinheira provenientes do município de Presidente Dutra (BA), avaliando-se: comprimento do fruto, diâmetro do fruto, massa do fruto, massa da semente, massa da casca, massa do receptáculo, espessura da casca, massa da polpa, rendimento da polpa, pH, sólidos solúveis totais (STT), acidez total titulável (ATT), vitamina C, relação (STT/ATT), umidade, cinza, açúcares totais, açúcares redutores e açúcares não-redutores. Análise por estatística descritiva e multivariada, utilizando-se as técnicas de agrupamento e análise de componentes principais mostraram variabilidade para a maioria dos caracteres, com a formação de dez grupos de genótipos, possibilitando a identificação de materiais promissores (Sousa, 2005).

MARCADORES MOLECULARES

Marcadores moleculares são características de DNA que diferenciam dois ou mais indivíduos e têm base mendeliana. São moléculas como DNA ou proteínas que marcam uma região ou regiões do genoma, ligada(s) a alguma característica de interesse agrônomo. Características morfológicas e agrônomicas têm a desvantagem de serem influenciadas pelos fatores do ambiente e podem não representar a real similaridade ou diferença entre os indivíduos. Por outro lado, marcadores genéticos representam estritamente a variação genética, não sofrendo influência do ambiente (Weising et al., 1995).

O uso de marcadores moleculares representa uma ferramenta adicional em programas de melhoramento genético em frutíferas, oferecendo novas possibilidades no manejo de uma coleção, permitindo a comparação entre indivíduos e identificando duplicatas (Engelborghs et al., 1998), além de possibilitar a classificação do germoplasma em grupos de interesse para os diferentes programas de melhoramento. Permite, também, determinar a presença ou ausência de gene(s) ligado(s) a características específicas para fins de melhoramento, com a vantagem de se fazer as análises antes do material ir para o campo. Com isso, diminui-se o volume de material que necessitaria de cuidados como adubação, capina, irrigação etc., havendo redução no número de gerações de melhoramento necessárias no desenvolvimento de variedades.

Polimorfismos em nível de DNA podem ser detectados por vários métodos. As diferenças entre indivíduos são notadas quando se visualiza diferentes tamanhos de fragmentos de DNA entre estes. A forma como esses fragmentos são obtidos varia com o tipo de metodologia empregada (Hillis et al., 1990).

Entre os marcadores de DNA, os quatro mais utilizados são Polimorfismo de Comprimentos de Fragmentos de Restrição (RFLP), o Polimorfismo de Fragmentos Aleatórios e Amplificados de DNA (RAPD), o Polimorfismo de Comprimentos de Fragmentos Amplificados (AFLP), minissatélites e os microssatélites (Ferreira & Grattapaglia, 1998). Entre esses marcadores, as isoenzimas e proteínas de semente são menos úteis para escolha de pais em populações geneticamente homogêneas, em razão da variabilidade relativamente pequena dos mesmos.

A técnica RFLP consiste basicamente no uso de enzimas de restrição que corta o DNA em sítios específicos, produzindo um grande número de fragmentos. Esta técnica é elaborada, mais demorada que as outras técnicas para obtenção de resultados de custo relativamente alto, e tem revelado um grau de polimorfismo de intermediário a baixo, conforme a espécie. Mesmo assim, os RFLPs têm sido utilizados em um grande número de estudos de caracterização de cultivares (Gebhardt et al., 1989; O'Donoghue et al., 1994; Autrique et al., 1996). Isso tem sido devido principalmente a sua alta consistência e repetibilidade na obtenção dos resultados.

Os minissatélites ou locos VTNR são seqüências repetitivas de DNA, adjacentes e em número variável (Jeffreys et al., 1985). O polimorfismo detectado resulta de variações no número destas seqüências. Essa técnica é similar a de RFLP, variando basicamente o tipo de sonda utilizado, com as vantagens e desvantagens já apresentadas para a técnica anterior. Uma vantagem adicional dos minissatélites é o alto grau de polimorfismo apresentado, decorrente da variação na distribuição dos sítios de restrição, das sondas utilizadas e do número e tipos das seqüências repetitivas. Minissatélites têm sido utilizados no melhoramento de frutíferas para a identificação de variedades, cultivares e clones e análise de diversidade genética (Daly et al., 1991).

O AFLP foi descrita por Vos et al. (1995), sendo uma técnica que possui grande capacidade para detecção de variabilidade genética e uso em caracterização de cultivares. O polimorfismo obtido com esta técnica está baseado em diferenças entre genótipos na distribuição dos sítios de restrição e na amplificação diferencial de fragmentos, possuindo, desta maneira, grande capacidade para detecção de variabilidade genética no nível de DNA. Entre as vantagens do uso de marcadores AFLP, estão o alto grau de polimorfismo e o mais alto número de marcadores obtidos por gel analisado. Apesar deste marcador ter natureza dominante, "softwares" têm sido desenvolvidos para distinguir indivíduos homocigotos e heterocigotos (Vos et al., 1995). Marcadores AFLP são utilizados com sucesso para detectar diferenças genéticas e variantes somaclonais em banana (Engelborghs et al., 1998), na identificação e monitoramento de genes de importância em maçã (Wang-Caihong et al., 2001) e em estudos de diversidade genética em pêssego (Aranzana et al., 2001).

Os microssatélites consistem em seqüências de 1 a 6 nucleotídeos, repetidas lado a lado, e representam regiões instáveis do genoma que estão sob alterações mutacionais a taxas muito maiores do que as observadas na seqüência de cópia única. A instabilidade dos microssatélites resulta em marcadores altamente polimórficos, multialélicos, que são extremamente úteis em estudos de genética. A maior vantagem dessa técnica é o elevado polimorfismo revelado, o que a torna uma das melhores opções para uso na caracterização de cultivares, especialmente em germoplasma aparentado e de baixa variabilidade. Estes marcadores têm sido utilizados para aplicações de mapeamento genético em inúmeras frutíferas (Kijas et al., 1995; Crouch et al., 1998; Cipriani et al., 1999; Ulanovsky et al., 2002).

A técnica de DNA polimórfico amplificado ao acaso (RAPD), desenvolvida por Williams et al. (1990), utiliza primers mais curtos e de seqüência arbitrária, o que elimina a necessidade do conhecimento prévio da seqüência alvo. O polimorfismo de RAPD tem natureza binária (presença ou ausência). São marcadores dominantes, não permitindo a distinção de heterocigotos. É uma técnica significativa na detecção de variabilidade genética e não requer mão de obra especializada (Ferreira & Grattapaglia, 1998).

Como todas as diferenças entre os seres vivos estão presentes no DNA, um indicador de reação terá sua seqüência complementar a uma determinada região em um indivíduo, sendo que essa mesma região pode não existir em outro indivíduo. Por exemplo, se um genótipo de maracujazeiro confere resistência a uma bacteriose, essa informação está impressa no DNA desta cultivar. Um outro genótipo que não apresente a resistência, não trará gravado em seu DNA essa informação. Nessa região, portanto, os genomas das duas cultivares serão diferentes. O indicador

amplificará fragmentos no primeiro indivíduo, mas não no segundo, desta forma eles serão separados pelo RAPD (Moreira, 2003).

Estimativas de distância genética baseada na análise direta de DNA eliminam complicações advindas da avaliação do fenótipo, como influência do ambiente e baixo número de polimorfismo. Sendo assim, técnicas que permitem identificar marcadores moleculares ligados a genes responsáveis por características de importância agrônômica, representam importantes ferramentas na seleção antecipada (Ferreira & Grattapaglia, 1998).

O uso de marcadores moleculares representa uma ferramenta adicional em programas de melhoramento genético em frutíferas, oferecendo novas possibilidades no manejo, permitindo a comparação entre indivíduos, identificação de duplicatas, a classificação de germoplasma, a presença ou ausência de gene ligado a características específicas, com a vantagem de análises precoces antes dos genótipos irem para o campo. Com isso diminui o volume de plantas que necessitam de cuidados como adubação, capina, irrigação etc., havendo redução no número de gerações de seleção necessárias para o desenvolvimento de variedades (Moreira, 2003).

A utilização de marcadores moleculares como ferramenta de seleções em culturas perenes, como a maioria das fruteiras com potencial para o Nordeste brasileiro, é uma tecnologia extremamente atraente tendo em vista o tempo necessário para completar uma geração de melhoramento desta espécie. A perspectiva de tornar mais eficiente a seleção precoce e com isso aumentar o ganho genético por unidade de tempo, faz com que o melhoramento de espécies frutíferas seja a área onde o uso efetivo desta tecnologia tende a ter as melhores perspectivas de sucesso. Além disto, encontrar marcadores moleculares aliados às características fenotípicas de maior rendimento do produto final aferidos por dados biométricos, é de grande contribuição para o êxito na seleção de genótipos superiores destas culturas. O uso de marcadores moleculares no Centro de Ciências Agrárias tem sido feito com a cultura da mangabeira e está sendo aplicado à cultura do jenipapeiro.

Mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes)

A caracterização molecular desta fruteira teve como objetivo determinar a distância genética entre os genótipos coletados utilizando a técnica de RAPD, a fim de identificar o polimorfismo presente nos genótipos avaliados e sua resposta em comparação à caracterização morfológica. As estimativas de distância genética foram aplicadas baseadas na análise direta do DNA como ferramenta adicional na confirmação dos valores morfológicos.

Em trabalho pioneiro, avaliando os marcadores RAPD em mangaba (Cruz, 2005), dos oito primers amplificados, dois foram monomórficos e seis polimórficos. Os seis primers responsivos geraram 28 produtos de amplificação (bandas), com o número de fragmentos produzidos variando de 3 (OPB-19) até 7 (OPH-15). Segundo Colombo et al. (1980), 10 a 30 primers, gerando 50 a 100 bandas polimórficas, são suficientes para estimar relações genéticas dentro e entre espécies.

Em trabalho subsequente foram avaliados 50 primers, sendo que 32 proporcionaram eficiência na amplificação, com bandas de padrão de visualização adequada. Nesta amplificação foi gerado um total de 407 bandas, sendo 257 polimórficas e 150 monomórficas (Capinam, 2007). Desta forma, os marcadores moleculares evidenciaram variabilidade pela presença de polimorfismo, a qual foi respaldada com similar variabilidade detectada com a caracterização morfológica.

Jenipapeiro (*Genipa americana* L.)

A formação de grupos gerados por mensurações físicas e químicas poderão ser respaldadas ao confirmarem suas informações genéticas diretamente do DNA. Por esta razão, em trabalho realizado por Hansen (2006), os genótipos foram avaliados utilizando técnicas de marcadores moleculares do tipo RAPD. Neste trabalho, dos 119 primers testados, 17 forneceram produtos nítidos de amplificação e boa repetibilidade. Pode-se observar padrões de bandas diferentes, indicando a presença de variabilidade genética entre os genótipos avaliados. Um total de 185 marcadores foram amplificados, com uma média de 10,7 por primer. O número de bandas polimórficas foi de 148 (81,32%) e variou de 3, com o primer OPAI-01 à 13, com o primer OPH-13. A utilização desta técnica demonstrou existência de polimorfismo no material em estudo, sendo uma técnica viável e uma importante ferramenta na identificação da variabilidade genética em jenipapeiros, comprovando a formação de grupos dissimilares, identificados também por marcadores morfológicos.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O melhoramento pressupõe a necessidade de modificar a constituição genética do indivíduo, cujas deficiências e qualidades são conhecidas, e tem como objetivo final o aumento da produtividade, melhoria da qualidade e adaptação a determinado ambiente. Assim, as informações sobre a variabilidade disponível facilita o estabelecimento dos objetivos de um programa de melhoramento.

São vários e distintos os mecanismos utilizados para obtenção de melhoria para as fruteiras pouco exploradas e de grande potencial econômico e social. A presença de ampla variabilidade constitui a primeira etapa para o alcance de tal objetivo. É onde a seleção pode atuar, identificando os genótipos distintos e superiores para serem multiplicados, conservados e manipulados através de cruzamentos genéticos ou incorporação de genes promissores por biotecnologia.

Iniciar um programa de melhoramento implica em compromissos a médio e longo prazo, disponibilidade de germoplasma com ampla variabilidade e conhecimento acumulado sobre a biologia da espécie a ser estudada.

Por fim, a estratégia para o melhoramento de fruteira deve conter as seguintes fases: identificação das características importantes a serem melhoradas; escolha da metodologia adequada para avaliação do material; identificação de fontes de variação genética dentro do germoplasma disponível; escolha e recombinação dos genitores; seleção dos segregantes superiores; comparação do material melhorado com um padrão existente; avaliação do comportamento da planta; distribuição do novo material.

Vários fatores têm sido apontados como difíceis de serem superados pelo melhoramento de fruteiras ainda pouco exploradas, como o pequeno conhecimento sobre a variabilidade destas espécies; o reduzido estoque de informações básicas sobre a biologia e a genética do material a ser melhorado (modo de reprodução, localização de genes, estudo sobre herança etc); a necessidade de adaptação das metodologias de melhoramento e técnicas experimentais e a demora na obtenção de novas cultivares decorrente da necessidade de avaliação no ambiente de cultivo.

Todas estas dificuldades serão superadas com pesquisas que agreguem informações e na criação de Programas de Melhoramento destas fruteiras potenciais, que mesmo a médio e longo prazo possam ser estreitados com adição de tecnologias complementares e eficientes. Frente a esta preocupação, tecnologias de marcadores moleculares, culturas de tecidos, seleção em cultivo hidropônico em estágio de plântula e propagação vegetativa de genótipos promissores, poderão tornar efetivo o progresso genético destas espécies.

REFERÊNCIAS

- ARANZANA, M. J.; VICENTE, M. C. de; ARUS, P. Comparison of fruit and leaf dna extracts for AFLP and SSR analysis in peach (*Prunus persica* (L.) Batsch). **Acta Horticulturae**, France, n. 546, p. 297-300, 2001.
- AUTRIQUE, E.; NACHIT, M.M., MONNEVEUX, P.; TANKSLEY, S.D.; SORRELLS, M.E. Genetic diversity in durum wheat based on RFLPs, morphological traits and coefficient of parentage. **Crop Science**, v. 36, p. 735-742, 1996.
- CAPINAN, G. C. S. **Seleção de germoplasma de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) definida por marcadores morfológicos e moleculares**. 120 f. 2007. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Cruz das Almas.
- CIPRIANI, G. et al. AC/GT and AG/CT microsatellite repeats in peach (*Prunus persica* (L) Batsch): isolation, characterisation and cross-species amplification in *Prunus*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 99, p. 65-72, 1999.
- COLOMBO, C.; SECOND, G.; VALLE, T. L.; CHARREIRA, A. Genetic diversity characterization of cassava cultivars (*Manihot esculenta* Crantz) with RAPD markers. **Genetic and Molecular Biology**, v. 21, n. 1, p. 105-113, 1998.
- CROUCH, H. K. et al. Segregation of microsatellite loci from haploid and diploid gametes in *Musa*. **Crop Science**, Madison, v.38, p.211-217, 1998.

- CRUZ, E. M. de O. **Caracterização e seleção de genótipos de mangabeira utilizando marcadores morfológicos e moleculares**. 2005. 72p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias). Universidade Federal da Bahia, Cruz das Almas.
- DALY, A. et al. **The isolation and characterization of plant sequences homologous to human hypervariable minisatellites**. In: BURKE, T. et al. DNA fingerprinting: approaches and applications. Basel: Birkhäuser, 1991. p.330-341.
- ENGELBORGHIS, I., SWENNEN, R., VAN CAMPENHOUT, S. Capacidad del AFLP para detectar diferencias genéticas y variantes somaclonales en *Musa* spp. **Infomusa**, Montpellier, v. 76, n. 2, p. 3-6, 1998.
- FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3ª ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1998, p.220.
- GEBHARDT, C.; BLOMENDAHL, C.; SCHACHTSCHABEL, U.; DEBENER, T.; SALAMINI, F.; RITTER, E. 1989. Identification of 2n breeding lines and 4n varieties of potato (*Solanum tuberosum*, ssp. *tuberosum*) with RFLP-fingerprints. **Theoretical and Applied Genetics**. 78:16-22.
- HANSEN, D. S. **Marcadores agrônômicos e moleculares na caracterização de jenipapeiros do Recôncavo Baiano**. 77 f. 2006. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias). Universidade Federal da Bahia, Cruz das Almas.
- HILLIS, D. M. et al. **Nucleic acids III: sequencing**. In: HILLIS, D. M., MORITZ, C. Molecular systematics. Sunderland: Sinauer Associates, 1990. p.318-370.
- JEFFREYS, A.J.; WILSON, V.; THEIN, S.L. Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. **Nature**, v. 316, p. 76-79, 1985.
- KIJAS, J. M. H.; FOWLER, J. C. S.; THOMAS, M. R. An evaluation of sequence tagged microsatellite site markers for genetic analysis within *Citrus* and related species. **Genome**, Ottawa, v. 38, p. 349-355, 1995.
- LORDÊLO, L. S. **Caracterização de jaqueiras (*Artocarpus heterophyllus* Lam.) em Cruz das Almas-BA**. 2001, 64 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias). Universidade Federal da Bahia. Cruz das Almas.
- MILLER, P. M. Programa TFPGA (Tools for population genetic analyses): versão 1.3. Califórnia: UCC, 1997. Disponível: <http://bioweb.usu.edu/mpmbio.cist.html> Consultado em 01/2005.
- MOREIRA, R. F. C. Marcadores bioquímicos e de DNA: importantes ferramentas no melhoramento genético de fruteiras. Toda fruta. Site: www.todafruta.com.br Consultado em 09/2003.
- O'DONOUGHUE, L.S.; SOUZA, E.; TANKSLEY, S.D.; SORRELLS, M.E. Relationships among North American oat cultivars based on restriction fragment length polymorphisms. **Crop Science**, v. 34, p. 1251-1258, 1994.
- PECCHIONI, N.; FACCIOLI, P.; MONETTI, A.; STANCA, A.M., TERZI, V. Molecular markers for genotype identification in small grain cereals. **Journal Genetics Breeding**, v. 50, p. 203-219, 1996.
- PINTO, W. da S. **Caracterização de genótipos de cajazeira (*Spondias lutea* L.) e as necessidades do sistema agroindustrial**. 2002, 75 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias). Universidade Federal da Bahia. Cruz das Almas.

SANTOS, R. O. S. **Caracterização de jenipapeiros (*Genipa americana* L.) em Cruz das Almas-BA.** 2001, 65 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias). Universidade Federal da Bahia. Cruz das Almas.

SOUSA, S. A. **Cultura da pinheira: caracterização de genótipos, germinação e atributos de qualidade requeridos pelo sistema de comercialização no CEASA de Salvador-BA.** 2005, 77p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias). Universidade Federal da Bahia. Cruz das Almas.

SOUSA, C. da S.; SILVA, S. A.; ALMEIDA, A. B.; SALDANHA, R.B. Caracterização morfológica de folhas de mangabeira em Nova Soure e Ouriçangas no Estado da Bahia. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 2004. **Anais...** Porto Seguro/BA.

ULANOVSKY, S. et al. Use of molecular markers in detection of synonymies and homonymies in grapevines (*Vitis vinifera* L.). **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 92, p. 241-254, 2002.

VOS, P. et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 23, p. 4407-4414, 1995.

WANG-CAIHONG. et al. Cloning an AFLP marker of columnar gene (co) of apple. **Journal of Fruit Science**, Alexandria, v. 18. p. 193-195, 2001.

WEISING, K. et al. **DNA fingerprinting in plants and fungi.** New York: CRC Press, 1995. 322p.

WILLIAMS, J. G. K.; KUBELIK, A. R.; LIVAK, K. J.; RAFALSKI, J. A.; TINGEY, S. V. **DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful genetic markers.** **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 18, p. 6531-6535, 1990.