

Capítulo 8

Melhoramento genético da videira

Patrícia Coelho de Souza Leão

Rita Mércia Estigarribia Borges Faustino

INTRODUÇÃO

A videira destaca-se entre as mais importantes espécies vegetais, e é a terceira árvore frutífera de maior importância econômica. A produção de uvas no Brasil tem apresentado uma tendência crescente, com certa estabilidade nos últimos anos. Os principais estados produtores são Rio Grande do Sul (776.027 t), São Paulo (184.930 t), Pernambuco (166.280 t) e Bahia (101.766 t) (AGRIANUAL, 2009). A cultura da videira destaca-se pela sua importância econômica e social para o Vale do Submédio São Francisco, envolvendo um grande volume anual de negócios e sendo responsável pela maior geração de empregos diretos e indiretos, entre as culturas irrigadas dessa região. As áreas de produção estão concentradas nos municípios de Petrolina, no Estado de Pernambuco, e Juazeiro, no Estado da Bahia, com superfícies plantadas de 5.111 ha e 4.063 ha, respectivamente (AGRIANUAL, 2009). Segundo o Instituto Brasileiro de Frutas (IBRAF) (2009), o volume das exportações brasileiras de uvas frescas foi de 82.242 toneladas em 2008, rendendo 171,5 milhões de dólares para a balança comercial brasileira. A região do Vale do Submédio São Francisco responde por 99% da exportação de uvas de mesa do país.

O êxito da viticultura mundial encontra fatores limitantes em problemas regionais, relacionados a estresses abióticos, tais como geadas, seca em áreas não irrigadas, ventos, clorose, salinidade, e estresses bióticos a exemplo de pragas e doenças. O melhoramento genético para obtenção de cultivares mais adaptadas e o uso da extensa variabilidade genética disponível no gênero

Vitis têm sido, desde o século 19, um dos meios mais eficientes para superar esses problemas e desenvolver a viticultura em regiões onde as condições ambientais não são favoráveis ao seu cultivo.

A morte de plantas, em 1860, em vinhedos franceses, devido a um pulgão subterrâneo que ataca as raízes da planta (GIOVANNINI, 2001), denominado Filoxera, modificou a história da viticultura mundial. Fontes de resistência foram identificadas nos EUA, onde o inseto vivia em simbiose com os tipos americanos, e o governo francês passou a importá-las para realizar seleção local. *V. riparia* e *V. rupestris* mostraram-se as mais tolerantes e foram largamente propagadas. A utilização de hibridação interespecífica passou a ocorrer ainda na metade do século 19, com o objetivo de obter híbridos de porta-enxertos resistentes à Filoxera e manter intactas as qualidades das cultivares-copa. Na Europa, a partir do século 20, com a justificativa do surgimento de fungicidas para o controle das doenças fúngicas e da baixa qualidade dos vinhos produzidos pelas cultivares híbridas, passou-se a dar grande ênfase à criação de cultivares tradicionais para a produção de vinhos por meio da seleção clonal (CAMARGO; RITSCHER, 2008).

De acordo com Reisch e Pratt (1996), as mais importantes introduções de cultivares de uvas de mesa realizadas no século 20 foram resultado de programas de melhoramento, são elas: 'Itália' (Pirovano 65), 'Cardinal', 'Perlette' e 'Flame Seedless'. Além delas, deve-se destacar ainda outras cultivares mais recentes, como a cv. Red Globe, que é uma das mais importantes uvas de mesa de cor vermelha cultivadas no mundo.

ORIGEM, TAXONOMIA E CITOGENÉTICA DA VIDEIRA

O gênero *Vitis* compreende mais de 70 espécies que estão agrupadas em três centros de origem distintos de acordo com a classificação de Vavilov (1926): Sul da Europa e Ásia Menor, Leste da Ásia e Américas do Norte e Central (Tabela 1). Duas espécies são originárias da Europa e Ásia ocidental, *Vitis vinifera* Linnaeus e *Vitis sylvestris* Gmel (GALET, 1988). Alguns botânicos classificam a videira silvestre em duas subespécies. A subespécie *sylvestris*, originária do sul e centro da Europa, noroeste da África e oeste da Turquia e Israel, é considerada o ancestral das cultivares atuais, podendo ainda ser encontrada em seu habitat natural, crescendo sob a copa das árvores. A segunda, subespécie *caucasica* Vav., é encontrada na Bessarabia, sul da Rússia, Armênia, Caucásia, Anatólia, Irã, Turquestão e Kashmir (DE LATTIN, 1939). A videira cultivada é denominada de ssp. *sativa* D.C. O grupo asiático inclui até

30 espécies nativas de uma vasta área que abrange China, Japão e regiões do leste da Ásia, até o sul na ilha de Java, destacando-se a espécie *Vitis amurensis* Rupr. como a mais conhecida, também por possuir frutos comestíveis (REISCH; PRATT, 1996). A classificação de Galet (1993) compreende 33 espécies americanas. A seção *Muscadinia*, nativa do Sudeste dos Estados Unidos e México, é constituída por três espécies conhecidas, *Vitis rotundifolia* Michaux, *Vitis munsoniana* Simpson e *Vitis popenoi* Fennell (GALET, 1998), que possuem $2n = 40$. Em tal seção, *Vitis rotundifolia* Michaux é considerada a mais importante.

Tabela 1. Espécies e origem do gênero *Vitis*.

Espécie	Origem
Seção <i>Muscadinia</i>	
<i>Vitis rotundifolia</i> Michx.	Sudoeste dos Estados Unidos e nordeste do México
<i>V. munsoniana</i> Simpson ex Munson	Sudoeste dos Estados Unidos e nordeste do México
<i>V. popenoi</i> Fennell	Sudoeste dos Estados Unidos e nordeste do México
Seção <i>Euvitis</i>	
Série 1 – <i>Candicansae</i>	
<i>V. candicans</i> Engelm. Ex A. Gray	Texas e estados vizinhos, nordeste do México
<i>V. doaniana</i> Munson	Oklahoma, Texas
<i>V. longii</i> W. R. Prince & Prince	Noroeste do Texas
<i>V. coriacea</i> Miq.	Flórida e nordeste do Estado da Louisiana
<i>V. simpsonii</i> Munson	Flórida
<i>V. champinii</i> Carrière	Texas central
Série 2 – <i>Labruscae</i>	
<i>V. labrusca</i> L.	Nordeste dos EUA
<i>V. coignetiae</i> Pulliat ex Planch.	Japão
Série 3 – <i>Caribaea</i>	
<i>V. caribaea</i> DC.	Antilhas, México e Venezuela
<i>V. lanata</i> Roxb.	Índia, Nepal, Sri Lanka, sul da China
<i>V. blancoii</i> Munson	México
Série 4 – <i>Arizonae</i>	
<i>V. arizonica</i> Engelm.	Arizona, México
<i>V. californica</i> Benth	Califórnia, sul do Estado de Oregon
<i>V. girdiana</i> Munson	Sul da Califórnia e México
<i>V. treleasei</i> Munson ex L. H. Bailey	México, Arizona, oeste do Texas, sul de Utah

Continua...

Tabela 1. Continuação

Espécie	Origem
Série 5 – Cinereae	
<i>V. cinérea</i>	Missouri, Texas, Louisiana, México
<i>V. berlandieri</i>	Texas e México
<i>V. baileyana</i>	Virgínia, norte e sul do Estado da Carolina
<i>V. bourgeana</i>	México
Série 6 – Aestivalae	
<i>V. aestivalis</i> Michx.	Nordeste dos EUA
<i>V. lincecumii</i> Buckley	Sudeste dos EUA
<i>V. bicolor</i> Raf.	Nordeste dos EUA
<i>V. bourquiniana</i> Munson	Sudeste dos EUA
<i>V. gigas</i> Fennell	Flórida
<i>V. rufotomentosa</i> Small	Flórida, Louisiana, Geórgia
Série 7 – Cordifoliae	
<i>V. cordifolia</i> Michx.	Nordeste dos EUA
<i>V. helleri</i> (L. H. Bailey) Small	Sul do Texas
<i>V. illex</i> L. H. Bailey	Flórida, Virgínia
<i>V. monticola</i> Buckley	Texas central
<i>V. rubra</i> Michx. ex Planch	Arkansas, Mississipi, Missouri, Illinois
Série 8 – Flexuosae	
<i>V. flexuosa</i> Thunb	China, Japão, Coreia do Sul, Vietnã, Indonésia
<i>V. balansaeana</i> Planch.	Índia, Nepal
<i>V. chunganensis</i> Hu	China, Vietnã, Tailândia
<i>V. pilosonerva</i> F. P. Metcalf.	China
<i>V. thunbergii</i> (Siebold & Zucc.) Druce	China
<i>V. tsoii</i> Merr.	Japão, Taiwan, China
<i>V. chungii</i> F. P. Metcalf	Sudeste da China
<i>V. pentagona</i> Diels & Gilg	Sudeste da China, Taiwan, Vietnã
<i>V. betulifolia</i> Diels & Gilg	China central
<i>V. amurensis</i> Rupr.	Sibéria, Manchúria, China
<i>V. piaseskii</i> Maxim	China, Coreia do Sul
<i>V. reticulata</i> Gagnep	China central
<i>V. embergeri</i> Galet	China central
<i>V. rotundifolia</i> Rom. Caill. Ex Planch	China, Laos, Vietnã
<i>V. pedicellata</i> Lawson	Região do Himalaia
<i>V. silvestrii</i> Pamp.	China

Continua...

Tabela 1. Continuação

Espécie	Origem
<i>V. seguinii</i> H. Lév.	China
<i>V. chrysobotrys</i> H. Lév. & Vaniot	China
<i>V. bryoniifolia</i> Bunge	China
<i>V. ficifolioides</i> W. T. Wang	China
<i>V. hancockii</i> Hance	China meridional
<i>V. hexamera</i> Gagnep	China
<i>V. pseudoreticulata</i> W. T. Wang	China
<i>V. wenchowensis</i> C. Ling	China
Série 9 – Spinosae	
<i>V. armata</i> (Diels & Gilg)	China
<i>V. davidii</i> (Rom. Caill)	China
<i>V. romanetti</i> (Rom. Caill)	China
Série 10 – Ripariae	
<i>V. riparia</i> Michx.	Nordeste dos EUA
<i>V. rupestris</i> Scheele	Sudeste dos EUA
Série 11 – Viniferae	
<i>V. vinifera</i>	Armênia e Mar Cáspio
<i>V. silvestris</i>	Armênia e Mar Cáspio

Fonte: Galet (1993); Radmann e Bianchi (2008)

Os híbridos entre *Muscadinia* e *Euvitis*, em geral, não são viáveis. Entretanto, o sucesso obtido pela hibridação entre *Muscadinia rotundifolia* e inúmeras espécies de *Vitis* torna esse gênero uma importante fonte de genes para resistência a doenças. Por outro lado, a qualidade dos frutos de videiras domesticadas de *Muscadinia rotundifolia* tem sido melhorada pelo seu cruzamento com *V. vinifera* L.

A espécie *Vitis vinifera* L. destaca-se pela sua importância econômica e elevada diversidade morfológica e genética. A facilidade de propagação assexual deu origem a um número estimado em 14.000 cultivares, com diferentes finalidades: consumo in natura, passas, sucos e vinhos (ALLEWELDT et al., 1990).

Híbridos entre espécies de *Vitis vinifera* são férteis; entretanto, os híbridos intergenéricos são altamente estéreis. Na meiose, são formados 13 bivalentes e diversos univalentes, com a fórmula genômica $13R'R^v + 7A + 6B$,

com 13 cromossomos homólogos de *Vitis vinifera* (R') e *Vitis rotundifolia* (R') que se pareiam normalmente. Portanto, os números básicos de cromossomos do genoma haploide da família possivelmente seriam 5, 6 e 7. As espécies da seção *Vitis* seriam poliploides ancestrais secundários, envolvendo três conjuntos básicos: $(6 + 7) + 6 = 19$, e, por outro lado, as espécies da seção *Muscadinia* teriam $(6 + 7) + 7 = 20$. As espécies, de alguma forma, teriam passado por uma diploidização para obter pareamento regular (OLMO, 1995).

BIOLOGIA DA REPRODUÇÃO

As flores de videira surgem em inflorescências do tipo umbela (CHALFUN et al, 1998). Geralmente apresentam-se na coloração verde, mas no momento da brotação podem se tornar rosadas (ALBUQUERQUE, 2003).

Plantas do gênero *Vitis* são descritas como dioicas, poligamodioicas ou monoicas, e suas flores podem ser díclinas ou monóclinas (perfeitas ou hermafroditas) ou hipóginas. Elas apresentam cinco estames (inseridos na base da flor pelos filamentos), ovário, estilo e estigma cobertos pela corola de cinco pétalas unidas entre si no ápice (Figura 1) (POMMER et al., 2003).



Figura 1. Fases de abertura da flor: (A) caliptra fechada; (B) desprendimento da caliptra; (C) flor após o desprendimento da caliptra; (D) flor pós-antese, a cor vermelha nos estigmas e anteras indica que eles não são mais funcionais.

Fonte: May (2004).

Na antese, a corola se solta pela base, mantendo-se intacta e com as extremidades das pétalas recurvadas para fora, constituindo a caliptra, que se assemelha a um pequeno chapéu, expondo o androceu e o gineceu (POMMER et al., 2003). Os estames se distendem com um filete reto, com uma antera

na extremidade, posicionada acima do estigma. O gineceu é composto por um ovário subgloboso, com dois lóculos, contendo dois óvulos cada um deles. O estilete é curto, com um estigma desenvolvido na extremidade. Ao redor do ovário, estão cinco glândulas de néctar, em alternância com os estames.

Muitas dessas flores chamadas perfeitas possuem um dos sexos rudimentar ou incompletamente desenvolvido, sendo, neste caso, denominadas flores estaminadas ou pistiladas (DORSEY, 1912). Essas flores, provavelmente, resultaram de hibridações interespecíficas.

Nos vinhedos ocorre fecundação cruzada, favorecida pela ação dos ventos, insetos, chuvas, ou artificialmente pela polinização manual. Portanto, a videira é uma planta alógama, sendo esta forma de reprodução indispensável para a produção em cultivares que apresentam estames curtos e recurvados para baixo, como por exemplo 'Moscatel de Alexandria', 'Bicane', 'Ohanez' e outras. A propagação sexuada em videiras é utilizada apenas em programas de melhoramento, por meio de polinização controlada.

A forma mais comum de propagação em videira é a vegetativa, feita por estacas lenhosas ou semilenhosas (ALBUQUERQUE, 2003).

DIVERSIDADE GENÉTICA

A propagação vegetativa da videira pela utilização de estacas resulta na formação de populações onde os indivíduos são clones geneticamente idênticos entre si e à planta-mãe que lhes deu origem. A facilidade de propagação aliada à longa história, desde a domesticação da videira cultivada, promoveu a sua disseminação em direção às mais diversas regiões no mundo, resultando no aparecimento de milhares de sinonímias (casos em que genótipos idênticos recebem diferentes denominações, de acordo com o seu local de cultivo). Algumas cultivares possuem até cem sinonímias. Também são comuns os casos de homonímias (quando plantas consideradas fenotipicamente idênticas, são, na verdade, plantas geneticamente relacionadas ou aparentadas). Além disso, a origem da maioria das cultivares de *V. vinifera* L. é antiga e desconhecida, e sua variabilidade genética é o resultado de cruzamentos espontâneos que podem ter ocorrido ao longo dos séculos de domesticação e cultivo dessa espécie (DANGL et al., 2001; VIGNANI et al., 2002). Esses fatos dificultam a identificação correta das cultivares, a qual é um requisito básico para o uso racional e manejo do germoplasma. Galet (1993) descreve 259 cultivares de uvas para vinho, com mais de 1.500

sinonímias, sendo que, dessas, 45% ocupam mais de 20.000 ha em todo o mundo e compreendem 55% das áreas cultivadas com vinhedos (REISCH; PRATT, 1996).

Espécies heterozigotas como a videira são conservadas apenas em coleções de plantas vivas no campo ou in vitro, sendo o estabelecimento de coleções e bancos de germoplasma o método mais usual. A manutenção de duplicatas das coleções vivas é recomendada utilizando estratégias alternativas como a conservação in vitro (criopreservação) e a conservação in situ. Esta última parece ser uma boa estratégia para espécies silvestres, aliando-se a manutenção do germoplasma a um custo baixo, enquanto preserva a sua evolução natural (BOURSIQUOT, 2000). A criopreservação é uma alternativa, mas não substitui as coleções vivas no campo, pois a manutenção de grandes coleções in vitro são caras e trabalhosas, além de existir o risco de propagar plantas com alterações genotípicas ou variantes somaclonais (RIAZ et al., 2007). Além disso, uma das principais desvantagens do método, é que as plantas não se encontram prontamente disponíveis para caracterização do germoplasma e uso pelo melhoramento genético.

No Brasil, a conservação do germoplasma de videira está sob a responsabilidade da Embrapa Uva e Vinho, onde se localiza o Banco Ativo de Germoplasma de Videira (BAG) com 1.298 acessos, introduzidos de diversas partes do mundo, incluindo mais de 40 espécies de *Vitis*, cultivares, híbridos interespecíficos e espécies silvestres. Esses acessos foram avaliados de 1984 a 1998, por um período de, no mínimo, 6 e, no máximo, 10 anos. As plantas estão enxertadas sobre o porta-enxerto 101-14 Mgt, em espaçamento 2,5 m x 1,5 m, conduzidas em espaldeira simples e sistema de poda em Guyot duplo arqueado¹. Outras coleções com menor número de acessos estão presentes em diversos institutos de pesquisa e universidades (IAC, Iapar, Epagri, Epamig, Uenf).

O Banco de Germoplasma de *Vitis* spp. da Embrapa Semiárido merece destaque por ser o único presente na região Nordeste do País, constituindo um recurso estratégico para a sustentabilidade da vitivinicultura tropical. Ele foi implantado em 1965 pela Sudene, constituído por acessos coletados na região Nordeste, e posteriormente em 1968, ampliado com cultivares importadas da FAO, Itália e do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC). A partir de 1979, já sob a responsabilidade da Embrapa Semiárido, esse banco de germoplasma

¹ As informações sobre características morfoagronômicas dos acessos desse BAG podem ser acessadas em <<http://www.cnpv.embrapa.br/prodserv/germoplasma/>>.

foi ampliado com cultivares para vinho e passa (ALBUQUERQUE, 1988). Atualmente, é composto por 227 acessos: 53,7% correspondem a cultivares de uvas de mesa e passa, 30% são cultivares de uvas para vinho e suco, 7,5% têm origem desconhecida, 5,3% são porta-enxertos e 3,5% são espécies americanas silvestres. Em relação à classificação botânica, eles incluem 134 cultivares de *Vitis vinifera* L., 4 cultivares de *Vitis labrusca* L., 64 híbridos interespecíficos e 8 espécies americanas (*Vitis rupestris*, *Vitis riparia*, *Vitis champinini*, *Vitis cinerea*, *Vitis gigas* Fennel, *Vitis candicans* Engelmann, *Vitis doaniana* Munson, *Vitis shuttleworthi* House), além de 17 acessos para os quais nenhuma informação sobre origem, espécie ou pedigree foi encontrada na literatura. Portanto, a maior parte dos acessos ou 59% pertence à espécie *Vitis vinifera* L., sendo os híbridos interespecíficos o segundo grupo com maior número de acessos (28,2%).

O Banco de Germoplasma de *Vitis* spp. da Embrapa Semiárido está localizado no Campo Experimental de Mandacaru, Juazeiro, BA, cujas coordenadas geográficas são 9°24'S, 40°26'O e 365,5 m de altitude. As plantas estão conduzidas em espaldeira com três fios de arame, irrigação localizada por gotejamento e espaçamento de 3 m x 2 m. Cada acesso é composto por quatro plantas que estão conduzidas em cordão bilateral, realizando-se duas podas anuais alternadas em podas curtas, que consistem em esporões com duas gemas e podas longas onde são mantidas varas com 6 a 8 gemas.

Desde a década de 1980, foram iniciados os trabalhos de avaliação morfoagronômica dos acessos, destacando-se cultivares com características desejáveis para serem recomendadas para o cultivo comercial ou utilizadas pelos programas de melhoramento. Borges et al. (2008) e Leão (2008) analisaram a diversidade genética entre os acessos desse Banco de Germoplasma por meio de diferentes métodos multivariados, resultando na recomendação de cruzamentos com base nas suas distâncias genéticas. Os resultados obtidos demonstraram a presença de variabilidade satisfatória entre os acessos de uvas de mesa; entretanto, essa variabilidade foi inferior entre os acessos de uvas para vinho.

A seleção de fontes de resistência às doenças mais importantes, que afetam a viticultura no Vale do Submédio São Francisco, também tem sido objetivo de trabalhos de pesquisa nesse banco de germoplasma (LOPES et al., 2005; TAVARES et al., 1996; 1998).

A caracterização molecular de 81% dos acessos dessa coleção foi realizada por Leão et al. (2009), utilizando sete marcadores microsatélites.

Esse foi o primeiro trabalho de caracterização molecular de uma coleção de germoplasma de videira no Brasil com base em marcadores moleculares microsatélites. Os perfis alélicos obtidos foram comparados com bases de dados internacionais, permitindo a identificação de inúmeros acessos duplicados, sinônimos e erros de denominação, gerando uma base de dados robusta para a identificação de cultivares de videira.

MÉTODOS DE MELHORAMENTO EM VIDEIRA

Embora seja uma planta perene com características biológicas complexas, como ciclo longo, cultivo difícil e estrutura citogenética complexa com cromossomos pequenos (POMMER et al., 2003), existem várias instituições no mundo que se dedicam ao melhoramento genético da videira. Seja por métodos clássicos ou por ferramentas biotecnológicas, busca-se sempre o desenvolvimento de cultivares adaptadas às regiões para as quais foram desenvolvidas e que venham a atender aos requisitos de aumento da produtividade, bem como de qualidade dos frutos. Em termos de qualidade dos frutos destinados ao consumo in natura, características como apirenia (ausência de sementes), aparência do cacho, sabor da baga (neutro, moscatel e foxado), baixo desgrane, consistência e textura da polpa e resistência pós-colheita são as de maior interesse. Soma-se a esses atributos a resistência a doenças, que é um dos principais fatores limitantes da vitivinicultura baseada na espécie *Vitis vinifera* L.

Em condições de clima tropical semiárido, o ideótipo de videira deve apresentar reduzida dominância apical e brotação uniforme de gemas sem a necessidade de aplicação de reguladores de crescimento; resistência ou tolerância a doenças, como míldio, cancro bacteriano e oídio; resistência ao excesso de chuvas durante a maturação e tolerância à salinidade do solo, estresse hídrico e altas temperaturas. O enriquecimento do Banco de Germoplasma de videira, para aumentar a variabilidade para tais características, é de grande importância para o programa de melhoramento da Embrapa Semiárido.

Seleção clonal

Nas castas tradicionais domesticadas e utilizadas na Europa para a produção de vinhos finos, foram feitas as primeiras seleções das melhores plantas (as mais produtivas, com maiores teores de açúcar e que preservassem

as características do vinho desejado), caracterizando o processo de seleção clonal, até hoje utilizado em uvas para vinho. Assim, a seleção clonal parte do princípio de que plantas oriundas de propagação vegetativa podem apresentar certa heterogeneidade, com as características desejáveis da cultivar em questão. Contudo, durante o processo de seleção de plantas, com vistas ao lançamento de cultivares, é importante que se tenha certeza da superioridade genética dos indivíduos e espera-se que seu desempenho inicial persista durante toda a sua vida.

Hibridação

Além da seleção clonal, processos que envolvem hibridação em videiras vêm proporcionando a obtenção de cultivares que combinam várias características como adaptação a ambientes específicos, produtividade, resistência a pragas e doenças e a qualidade compatível com as diferentes exigências de mercado (CAMARGO; RITSCHER, 2008). A realização da hibridação tem por finalidade combinar, em um mesmo indivíduo, dois ou mais fenótipos desejáveis que se encontram em indivíduos diferentes. Por meio do cruzamento entre esses indivíduos, é gerada uma população com variabilidade genética, na qual poderá ser praticada a seleção visando à obtenção de um ou mais indivíduos que reúnam os caracteres de interesse. As hibridações podem ser do tipo biparental ou cruzamentos interespecíficos.

O genitor escolhido para ser o receptor de pólen, ou seja, o genitor feminino, deverá ser emasculado quando as inflorescências estiverem bem desenvolvidas e se observarem as primeiras flores abertas (antese), as quais devem ser eliminadas (Figura 2A). Cada flor deverá sofrer a remoção cuidadosa da corola e dos estames, com o auxílio de pinça metálica, reta e de ponta fina, evitando-se danificar o estigma. Após essa operação, a inflorescência deverá ser devidamente protegida com saco de papel vegetal impermeável, contendo a data e a identificação da cultivar (Figura 2B). A polinização deverá ser feita um dia após a emasculação, com pólen do genitor masculino. Para a coleta do pólen, as inflorescências são colhidas e passam por secagem natural, em placas de Petri, por 12 horas.

Após a secagem, realiza-se a separação dos botões florais, que devem novamente retornar à secagem. A liberação dos grãos de pólen das anteras é obtida por ligeira maceração. Após a retirada do pólen, ele deverá ser devidamente armazenado em pequenos frascos de vidro, com a identificação

do genótipo e data da colheita e retirada (Figura 2C). A conservação pode ser feita em dessecador contendo sílica gel, mantida num refrigerador, ou em congelador a -18 °C por vários meses, hermeticamente fechado e armazenado.

A aplicação do pólen deve ser feita com um pincel de cerdas macias (Figura 2D), isolando novamente os cachos para maior aderência à inflorescência. Após 7 dias, os sacos devem ser retirados e os cachos devidamente identificados (Figuras 2E e F) com a data da polinização e os genitores do cruzamento.

Os cruzamentos biparentais são os mais utilizados em *Vitis vinifera*. O sucesso dos cruzamentos biparentais depende à escolha dos genitores, ao bom índice de pegamento durante a polinização controlada, bem como da consequente taxa de aproveitamento obtida no número de plantas levadas a campo. Em relação à escolha dos genitores, quando o caráter a ser melhorado é controlado por poucos genes e pouco influenciado pelo ambiente, ou caracteres qualitativos, normalmente se utiliza uma linhagem portadora do gene de interesse, com outra com boas características agrônômicas. Para caracteres quantitativos, como a produtividade, técnicas de análise multivariada são mais eficientes e possibilitam a escolha de pais tomando-se como referência um conjunto de caracteres (MIRANDA FILHO; NASS, 2001), aumentando a variabilidade genética nas populações segregantes.

Os cruzamentos interespecíficos são utilizados para incorporar genes de interesse (MIRANDA FILHO; NASS, 2001) que se encontram geralmente em espécies silvestres. Normalmente esses genes estão associados à resistência a fatores abióticos ou a moléstias. No caso do gênero *Vitis*, as espécies americanas *V. riparia* e *V. rupestris* podem ser citadas como fontes de resistência à filoxera. Normalmente, em cruzamentos interespecíficos, após a introdução do gene (ou genes) de interesse, utiliza-se o retrocruzamento como forma de reintroduzir as características comerciais de *Vitis vinifera*. Para isso, um ou mais híbridos são retrocruzados com o genitor comercial.

Seleção massal e recorrente

O método de seleção fenotípica individual, ou seleção massal, consiste na escolha das melhores progênies, avaliação em experimentos com repetições, seleção das progênies superiores e recombinação delas ou de outros tipos de progênies ou genótipos relacionados àqueles selecionados (MIRANDA FILHO; NASS, 2001).

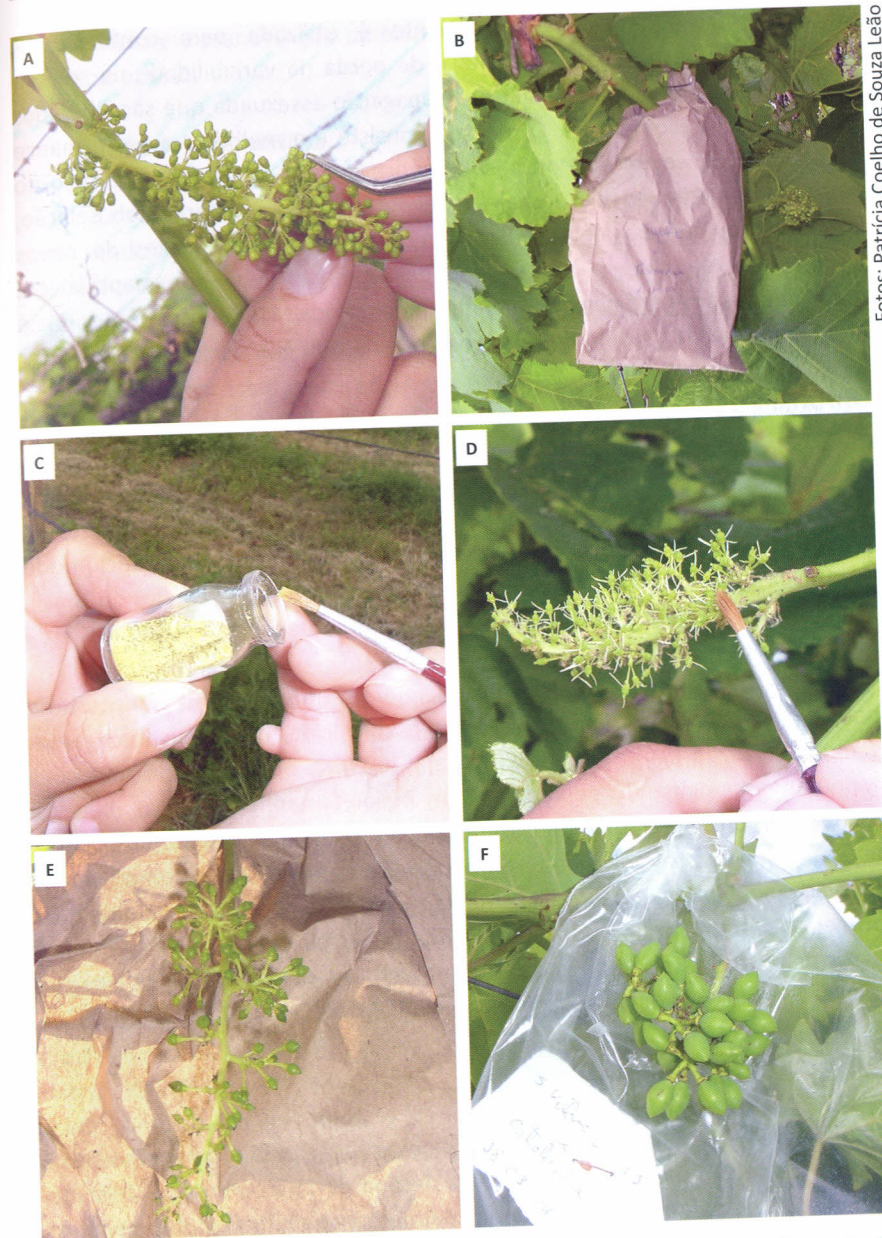


Figura 2. Polinização controlada em *Vitis* spp.: (A) emasculação; (B) inflorescência protegida após emasculação; (C) pólen armazenado em frasco de vidro; (D) polinização manual; (E) cacho após pegamento; (F) cacho já em desenvolvimento, após polinização, protegido com saco plástico, devidamente identificado.

A seleção recorrente geralmente é utilizada para contornar os problemas de base genética restrita e de perda da variabilidade na seleção de clones superiores em espécie de propagação assexuada que são liberados como cultivares comerciais. O método consiste em melhorar a performance de populações, sejam elas de base genética restrita ou ampla, por meio do aumento das frequências dos alelos favoráveis dos caracteres sob seleção, fazendo com que os alelos possam ser utilizados como fontes de novos híbridos ou de clones. A variabilidade genética deve ser mantida em níveis adequados para permitir o melhoramento nos ciclos subsequentes. Ela é empregada visando resultados em longo prazo (MIRANDA FILHO; NASS, 2001).

Mutação e poliploidia

Métodos que não envolvem a realização de cruzamentos ou seleção, ou ambos, também contribuem para a descoberta e lançamento de cultivares de videira. A mutação que ocorre em tecidos da planta (mutação somática) pode promover variação no formato ou na cor da baga. Como exemplo, no Brasil, as cultivares Italia Muscat, Benitaka e Brasil são mutações da uva 'Italia' e da 'Benitaka', respectivamente.

Outro método não convencionalmente utilizado é a indução da poliploidia por meio de indutores como a colchicina, utilizada sobre gemas e meristemas da planta (POMMER et al., 2003). A ocorrência de mutações espontâneas, originando poliploides com maior tamanho de folhas, bagas e cachos, sempre chamou a atenção de viticultores e melhoristas. Entretanto, poucas cultivares tetraploides têm importância comercial, tais como 'Kyoho', cultivada no Japão e no Brasil e 'Niabell', cultivada nos Estados Unidos. Os primeiros tetraploides foram identificados no Brasil por Inglês de Souza, a partir de mutação espontânea de 'Niagara' e foram denominados de 'Niagara Branca Gigante' e 'Niagara Rosada Gigante' (POMMER et al., 2003).

Cultura de tecidos

Técnicas de cultura de tecido em plantas vêm sendo empregadas desde o início do século passado e, a partir da década de 1970, têm sido utilizadas com diferentes enfoques, visando, principalmente, ao melhoramento genético. A utilização dessas técnicas tornou-se uma importante ferramenta para o melhoramento de videira, apresentando vantagens em relação aos métodos tradicionais de propagação vegetativa, dentre as quais se destacam a rapidez

do processo e a manutenção de plantas livres de vírus. As mais utilizadas são descritas abaixo.

Resgate de embriões

O resgate de embriões em cruzamentos entre genitores apirênicos vem sendo adotado em programas de melhoramento de videira, visando agilizar a obtenção de resultados. A técnica é utilizada pela maioria dos grupos de pesquisa na área de melhoramento com enfoque para a obtenção de cultivares apirênicas, realizando cruzamentos diretos entre genitores apirênicos por apresentar alta eficiência e aumentar a frequência de indivíduos sem sementes na progênie. Essa técnica consiste na coleta e cultivo in vitro de sementes-traço, 6 a 8 semanas após a polinização, e posterior resgate do embrião e germinação em meio de cultura específico, gerando plântulas de indivíduos com novas combinações genéticas (EMERSHAD; RAMMING, 1984).

Organogênese

É uma via de desenvolvimento na qual órgãos vegetais são induzidos à diferenciação a partir de uma ou várias células. A organogênese pode ser direta ou indireta. Na direta, ou adventícia, o órgão vegetal é induzido e se desenvolve diretamente de um explante, sem passar por uma fase inicial de calo. Na indireta, há proliferação e crescimento do calo, seguido por indução de brotos ou raízes e desenvolvimento desses tecidos (MANTELL et al., 1994). O sucesso depende de vários fatores, destacando-se os fitorreguladores como os principais controladores da morfogênese in vitro, a exemplo de benzilaminopurina (BAP), citocinina muito eficaz na multiplicação da parte aérea e indução de gemas adventícias (GRATTAPLAGIA; MACHADO, 1998) e a giberelina, utilizada no alongamento das pequenas brotações obtidas na multiplicação e que não se encontram em condições de ser individualizadas para o enraizamento (GRATTAPLAGIA; MACHADO, 1998). Por organogênese, foram produzidos, com sucesso, genótipos a partir de calos obtidos do cultivo de anteras em 'Gloryvine' - *V. vinifera* x *V. rupestris* (RAJASEKARAN; MULLINS, 1983).

Embriogênese somática

É definida como o processo de desenvolvimento de embriões, a partir de células somáticas. Pode-se distinguir duas maneiras: direta, na

qual os embriões se originam diretamente dos tecidos, sem a proliferação do calo; e indireta, na qual o calo é formado, mantido e proliferado antes do desenvolvimento dos embriões. Em ambos os casos, os embriões passam pelo estado globular, cordiforme e torpedo seguindo pela formação da planta (COLLIN; GROSSER, 1984). É uma técnica bem estabelecida em várias espécies de videira, mas a resposta entre os genótipos cultivados varia muito. A taxa de iniciação de culturas embriogênicas normalmente é baixa (REISCH; PRATT, 1996).

TECNOLOGIAS DO DNA RECOMBINANTE

Transformação genética

Nas últimas décadas, a transformação genética da videira alcançou progressos significativos, que resultaram em protocolos de transformação para porta-enxertos e cultivares-copa. O método comum nesses projetos de pesquisa utiliza a introdução de transgenes mediado por *Agrobacterium tumefaciens* ou bombardeio de microprojéteis (biolística) e a regeneração das plantas a partir de culturas embriogênicas.

A regeneração de videiras transgênicas envolvem quatro etapas principais: a) obtenção de tecidos embriogênicos; b) introdução de transgenes em células ou grupos de células embriogênicas; c) indução seletiva de embriões; d) germinação das estruturas em plântulas não quiméricas. Informações detalhadas sobre o processo de regeneração de plantas transgênicas de videira são obtidas em trabalhos recentes (VIDAL et al., 2003).

O florescimento e desenvolvimento da baga são fenômenos biológicos complexos regulados por uma série de fatores genéticos. Em videira, um número de genes supostamente envolvidos no desenvolvimento do órgão reprodutivo foram identificados e isolados (CARMONA et al., 2008) e alguns deles já foram estudados por meio de transformação genética. A superexpressão de um gene envolvido na síntese de auxina (*DefH9-iaaM*) em plantas transgênicas das cultivares Thompson Seedless e Silcora aumentou o número de inflorescências por vara e bagas por cacho (COSTANTINI et al., 2007), sugerindo um papel da auxina no desenvolvimento reprodutivo da videira.

Diversos estudos funcionais têm sido realizados em videira para compreender e identificar os genes envolvidos na via de síntese dos flavonoides, representados principalmente pelas antocianinas, pró-antocianidinas e flavonóis. A utilização de plantas transgênicas foi essencial para determinar a função dos genes *VvmybA1*, *VvmybA2*, e *VvmybA3* na pigmentação das bagas (KOBAYASHI et al., 2002).

A maioria das pesquisas para obtenção de videiras transgênicas tem como principal objetivo a resistência a doenças causadas por fungos e bactérias em cultivares-copa, enquanto, em porta-enxertos, a resistência viral tem sido o foco principal. O desenvolvimento de videiras transgênicas resistentes a bactérias foi obtido nas cultivares Thompson Seedless (SCORZA et al., 1996), no porta-enxerto 110R (HOLDEN et al., 2003) e Chardonnay (VIDAL et al., 2003). Alguns genes associados à resistência a *Botrytis cinerea* (AGUERO et al., 2005), oídio e antracnose (YAMAMOTO et al., 2000) já foram identificados.

A utilização de plantas transgênicas de videira para os estudos da interação patógeno-hospedeiro e dos mecanismos de resistência das plantas tem como foco principal o conceito de resistência derivada do patógeno (SANFORD; JOHNSTON, 1985), por meio da expressão de uma sequência viral como o gene da capa proteica ou uma proteína de movimento. O primeiro relato de sucesso foi a introdução do gene da capa proteica do vírus do mosaico da uva (GCMV) no porta-enxerto R 110 (LE GALL et al., 1994). Desde então, diversos trabalhos mencionam a utilização da transgenia para introdução dos genes da capa proteica do vírus dos entrenós curtos (GAMBINO et al., 2005; KRASTANOVA et al., 1995; MAGHULY et al., 2006) e do vírus do enrolamento da folha (BOUQUET et al., 2008). A maioria desses estudos teve como objetivo avaliar o nível de tolerância de plantas transgênicas à infecção pelo vírus, mas também forneceu informações valiosas sobre a interação entre o vírus e as plantas de videira.

A transferência de genes é até o momento o único método para estudar e confirmar a função de genes em nível espacial, temporal, celular ou em plantas inteiras, uma vez que coleções de mutantes ainda não se encontram disponíveis em videira. Embora cultivares melhoradas tenham sido obtidas, diversos aspectos devem ser considerados para a sua efetiva utilização: propriedade intelectual e patente; questões legais, regulatórias, políticas, econômicas, marketing e tradições e cultura, estes últimos, muito relacionados ao hábito de consumo do vinho.

Mapeamento, detecção de QTLs e seleção assistida por marcadores

A videira (*Vitis vinifera* L.) é uma espécie atraente para a realização de estudos na área genômica e molecular devido às características que apresenta: é uma espécie diploide e o seu genoma é pequeno, 475 Mb, quando comparado ao de outras plantas (1/6 do tamanho do genoma do milho), possui 19 cromossomos, os seus genótipos são altamente heterozigotos e a maioria das cultivares apresentam plantas com flores hermafroditas, autoférteis e que facilmente podem ser cruzadas entre si (THIS et al., 2006).

Em 1998, foi criado, pela comunidade internacional de pesquisa em genética da videira, um consórcio internacional – o International Grape Genome Program (IGGP) – que foi dividido em cinco grupos de trabalho: a) marcadores e mapeamento genético; b) mapeamento físico e construção de bibliotecas *bacterial artificial chromosome* (BAC); c) geração de *Express Sequence Tags* (ESTs) e perfil transcricional; d) análise funcional; e) bioinformática. Nos últimos anos, os resultados obtidos por esse consórcio produziram mais de 316.000 ESTs e centenas de marcadores *single nucleotide polymorphism* (SNPs), depositados em bases de dados internacionais.

Um consórcio franco-italiano publicou em 2007 o genoma de *Vitis vinifera*, sendo este o quarto genoma de plantas e o primeiro de uma espécie frutífera a ser publicado, evidenciando a participação de três genomas ancestrais comuns às espécies dicotiledôneas na formação do conteúdo diploide do genoma da videira, a partir de eventos remotos de hexaploidização ou duplicações do genoma. Foram identificados 30.434 genes funcionais, valor significativamente mais baixo do que os 45.555 genes relatados em *Populus trichocarpa* (485 Mb) (TUSKAN, 2006) e os 37.544 genes identificados no arroz (389 Mb) (INTERNATIONAL RICE GENOME SEQUENCE PROJECT, 2005).

Na maioria das espécies vegetais, os mapas de ligação genéticos são obtidos a partir de populações segregantes derivados de cruzamentos entre linhas puras homozigotas. A condição heterozigota da videira requer a utilização de populações F1 aliando-se a estratégia de *pseudotestcross* baseada na construção de mapas genéticos de ambos os parentais, integrados em um mapa consenso, utilizando marcadores codominantes em alelos que segregam em ambos os parentais (GRATTAPAGLIA; SEDEROFF, 1994). Diversos mapas genéticos foram desenvolvidos em videira na última década (Tabela 2).

Tabela 2. Lista de mapas genéticos de videira publicados

População	Marcador	Nº de indivíduos	Distância média do marcador (cM)	Fonte
'Cayuga White' x 'Aurora' ⁽¹⁾	RAPD, RFLP, isoenzima	60	6,1	Lodhi et al. (1995)
'Horizon' x 'Illinois 547-1' ⁽²⁾	RAPD, SSR, CAPS, AFLP	58	7,8	Dalbó et al. (2000)
MTP2223-2 x MTP212130 ⁽³⁾	AFLP, SSR, RAPD, SCAR isoenzimas	139	6,2	Doligez et al. (2002)
'Moscato Bianco' x <i>V. riparia</i> ⁽⁴⁾	SSR, AFLP, SSCP	81	8,1	Grando et al. (2003)
'Riesling' x 'Cabernet Sauvignon' ⁽⁵⁾	SSR, EST	153	11	Riaz et al. (2004)
<i>V. rupestris</i> x <i>V. arizonica</i>	AFLP, SSR, RAPD, ISSR	116	10,2	Doucleff et al. (2004)
'Syrah' x 'Grenache' ⁽⁶⁾	SSR	96	6,4	Adam-Blondon et al. (2004)
'Regent' x 'Lemberger' ⁽⁷⁾	AFLP, RAPD, SSR, SCARs, CAPS	153	5,9	Fischer et al. (2004)
Riesling autofecundação	SSR	96	6,4	Adam-Blondon et al. (2004)
'Welschriesling' x 'Sirius' ⁽⁸⁾	SSR, RAPD	92	-	Mandl et al. (2006)
'MTP2687-85' x 'Muscat Hamburg' ⁽⁶⁾	SSR	174	-	Doligez et al. (2006)
'Regent' x 'Lemberger' ⁽⁷⁾	SSR, SCAR	129	4,7	Welter et al. (2007)
'D8909-15' x 'F8909-17' ⁽⁸⁾	SSR, CAPS	188	5,7	Xu et al. (2007)
'Merzling' x 'Teroldego' ⁽⁹⁾	SNPs, SSR	89	5,4	Salmaso et al. (2008)
'Italia' x 'Big Perlon' ⁽¹⁰⁾	SSRs, AFLPs, ESTs, SCAR	-	4,2	Constantini et al. (2008)
'Cabernet Sauvignon' x <i>V. riparia</i> ⁽¹¹⁾	SSR, SSCPs	138	6,7	Marguerit et al. (2009)
'Regent' x 'Lemberger' ⁽⁷⁾	SSR, RGAs, EST	144	3,7	Welter et al. (2009)
'Vitis riparia' x 'Seyval'	SSR, EST	119	8,6	Garris et al. (2009)

⁽¹⁾ (Híbrido de *V. vinifera*, *V. labrusca*, *V. rupestris* e *V. aestivalis*) x (Híbrido de *V. vinifera*, *V. rupestris*) e *V. aestivalis*. ⁽²⁾ ('Seyval' x 'Schuyler') x (*V. rupestris* x *V. cinerea*). ⁽³⁾ *V. vinifera* x *V. rupestris*. ⁽⁴⁾ *V. vinifera* x *V. riparia*. ⁽⁵⁾ *V. vinifera* x *V. riparia*. ⁽⁶⁾ *V. vinifera* x *V. vinifera*. ⁽⁷⁾ *V. vinifera* x *V. vinifera*. ⁽⁸⁾ (Híbrido de espécies silvestres de *Vitis* e *V. vinifera*) x *V. vinifera*. ⁽⁹⁾ (Híbrido *V. rupestris*, *V. arizonica* b42-26) x (Híbrido *V. rupestris*, *V. arizonica* b43-170). ⁽¹⁰⁾ Híbrido complexo de espécies silvestres x *V. vinifera*. ⁽¹¹⁾ *V. vinifera* x *V. riparia*.

Fonte: Leão e Borges (2009)

O primeiro mapa de ligação em videira foi obtido de uma população derivada do cruzamento 'Cayuga White' x 'Aurora', ambos parentais híbridos interespecíficos, e foi composto por 422 marcadores *random amplified polymorphic DNA* (RAPD) e 16 marcadores *restriction fragment length polymorphism* (RFLP) e isoenzimas (LODHI et al., 1995).

Riaz et al. (2004), utilizando uma população de mapeamento com 153 indivíduos, resultante do cruzamento 'Riesling' (*V. vinifera*) x 'Cabernet Sauvignon' (*V. vinifera*), desenvolveram o primeiro mapa de referência baseado apenas em marcadores moleculares co-dominantes microssatélites. Foram empregados 152 marcadores *simple sequence repeats* (SSR) e um *expressed sequence tag* (EST) para mapear 20 grupos de ligação, cobrindo 1.728 cM, a uma distância média de 11,0 cM entre marcadores.

Uma das principais aplicações dos mapas de ligação genéticos é o mapeamento de *Quantitative Trait Loci* (QTL) ou loci que controlam a expressão de características quantitativas, como a resistência a doenças, apirenia e tamanho das bagas. O objetivo principal dos estudos de mapeamento genético e identificação de QTLs na videira é a resistência a doenças como míldio (*Plasmopora viticola*), oídio (*Uncinula necator*), nematoide (*Xiphinema index*) e a bactéria *Xyllela fastidiosa* (mal de Pierce).

Dalbó et al. (1997) estudaram a herança da resistência ao oídio na progênie 'Horizon' x 'Illinois 547-1', identificando um QTL principal no mapa parental 'Illinois 547-1', onde um único marcador explicou 44% da variação, e estava também presente em *Vitis cinerea*, um dos parentais de 'Illinois 547-1' e possível fonte de resistência. Dalbó et al. (2001) detectaram QTLs para resistência ao oídio e podridão escura das bagas. Dois marcadores ligados a um QTL responsável pela produção da fitoalexina resveratrol foram obtidos por meio da metodologia *Bulk Segregant Analysis* (BSA) e convertidos em marcadores *Cleaved Amplified Polymorphic Sequence* (CAPS). Eles foram testados em quatro diferentes populações e demonstraram-se fortemente associados com a resistência ao oídio na videira. QTLs associados a resistência ao oídio também foram detectados nos grupos de ligação 9 e 12, explicando, respectivamente, 26,0% a 34,4% e 28,9% a 31,5% da variância total, em um mapa genético obtido a partir de uma progênie de 138 indivíduos do cruzamento 'Cabernet Sauvignon' x *Vitis riparia* Gloire de Montpellier (MARGUERIT et al., 2009).

Foram utilizados 144 indivíduos F1 resultantes do cruzamento 'Regent' x 'Lemberger' (*V. vinifera*) para mapear 430 marcadores que foram distribuídos em 19 grupos de ligação com cobertura total de 1.585 cM e distância média

entre marcadores de 3,67 cM. Foram detectados um QTL principal para resistência ao oídio e quatro QTLs (um maior e três menores) para míldio. Alguns genes funcionais derivados dos marcadores foram colocados com os principais QTLs para resistência ao oídio e míldio (WELTER et al., 2009).

O controle genético da resistência ao míldio foi estudada em uma população de 116 indivíduos do cruzamento 'Chardonnay' X 'Bianca'. O parental 'Bianca' e 59% de sua prole foram heterozigotos para um gene dominante, localizado em um intervalo de 2,9 cM do locus *Rpv3* no cromossomo 18, responsável pelo aparecimento de uma resposta de hipersensibilidade (HR) nos sítios de infecção dois dias após a inoculação. QTLs de efeito maior foram colocados no locus *Rpv3* e associados às seguintes respostas fenotípicas: extensão da colonização do mesofilo (variância explicada 16,2%), densidade de esporulação (variância explicada 74,3%) e gravidade dos sintomas (variância explicada 74,6%).

Uma forte correlação foi observada entre a capacidade de uma muda para mostrar uma resposta de hipersensibilidade sob condições experimentais controladas e resistência quantitativa da planta adulta exposta às infecções naturais no campo (BELLIN et al., 2009). Estudos de piramidação de genes de resistência ao míldio e oídio foi investigado por Eibach et al. (2009) na descendência do cruzamento 'VRH3082-1-42' x 'Regent', obtendo-se que o gene *Run1* foi totalmente ligado à resistência ao oídio e ligado em alto grau à resistência ao míldio. Os marcadores VMC_4d9.2a, UDV_015b, VViv67 e A7-32-760 foram correlacionados com a resistência ao oídio, enquanto os marcadores UDV_130, VMCNG2_f12 e UDV_108 foram correlacionados à resistência ao míldio, podendo ser utilizados para seleção assistida a fim de alcançar resistência a essas doenças.

Um QTL de maior efeito, explicando 59,9% da variância total para a resistência ao nematoide *Xiphinema index* (*XiR1*), foi identificado no cromossomo 19, utilizando-se uma população de 188 indivíduos resultante do cruzamento 'D8909-15' x 'F8909-17' (XU et al., 2007). Um mapa genético saturado do cromossomo 14, que contém o locus de resistência ao mal de Pierce, foi obtido a partir de três populações de mapeamento, cuja fonte de resistência foi B43-17, uma seleção de *Vitis arizonica* homozigoto resistente. Um único gene dominante foi mapeado como PdR1a na seleção F1-17 da população 9621, e como *PdR1b* na seleção F1-08 da população 04.190. O gene *PdR1a* foi mapeado entre os marcadores VvCh14-56/VvCh14-02 e UDV095 dentro de um intervalo de 0,6 cM de distância genética. O gene *PdR1b*, por sua vez, foi mapeado entre os marcadores VvCh14-02 e UDV095/

VvCh14-10, dentro de uma distância de 0,4 cM. Os mapas genéticos saturados desenvolvidos podem ser utilizados para identificar e clonar os genes que conferem resistência a essa doença (RIAZ et al., 2008).

Diversos mapas também foram obtidos para identificação de QTLs envolvidos no controle genético de características de qualidade da uva como apirenia, tamanho de bagas e sabor.

Doligez et al. (2002) mencionaram a detecção de QTLs envolvidos na expressão de características relacionadas a apirenia (número de sementes, massa seca e fresca de sementes, percentual de matéria seca de sementes). Eles utilizaram uma progênie F1 resultante do cruzamento de dois genótipos parcialmente apirênicos e obtida por meio da técnica de resgate de embriões, e identificaram um QTL de efeito maior (R^2 até 51%) no grupo de ligação 10. Também estudando a segregação do caráter apirenia, Cabezas et al. (2006) identificaram três QTLs que explicaram 35% da variância total da característica *número de sementes* e *sementes-traço por baga* e outros seis QTLs responsáveis por 90% da variância total da massa fresca de sementes, sendo que o locus SSR associado a esse QTL revelou-se um marcador molecular útil para a seleção para tal característica.

QTLs associados com tamanho de bagas foram relatados por Riaz (2001), Doligez et al. (2002) e Fischer et al. (2004), e mapeados em diferentes grupos de ligação.

O conteúdo dos principais monoterpenos envolvidos no sabor moscatel (linalol, nerol e geraniol) foi estudado em um mapa genético integrado dos pais e da população descendente MTP2687 ((Olivette x Ribol) x Moscatel de Hamburgo). QTLs envolvidos no sabor moscatel foram encontrados nos grupos de ligação 1, 5 e 7. QTLs associados ao conteúdo de monoterpenos, explicando 17% a 55% da variância fenotípica total, foram encontrados também no grupo de ligação 5. Outros QTLs de efeitos menores (9% a 25%) associados ao conteúdo de linalol, geraniol e nerol, foram encontrados respectivamente nos grupos de ligação 12 e 13 (DOLIGEZ et al., 2006b).

Um QTL único foi responsável por até 62% da variação no teor de antocianinas em bagas de videira mapeado em uma população F1 derivada do cruzamento 'Grenache' x 'Syrah'. Usando um método de regressão multivariada, foi demonstrado que 84% da variação observada foi representada por cinco polimorfismos em genes VvMybA (exceto VvMybA4): um retrotransposon, três polimorfismos de nucleotídeo único e uma inserção/deleção de 2 pb (FOURNIER-LEVEL et al., 2009).

O desenvolvimento de mapas físicos e a sua integração com os mapas genéticos são necessários para o isolamento e a clonagem de genes de interesse. A estratégia utilizada tem sido a utilização de biblioteca BAC, integrando com mapas genéticos previamente publicados (BARKER et al., 2005; VELASCO et al., 2007; MOROLDO et al., 2008).

Os mapas genéticos saturados e mapas físicos desenvolvidos para a videira na primeira década do século 21 ampliaram as possibilidades da utilização de seleção assistida por marcadores (SAM) nos programas de melhoramento.

A seleção assistida por marcadores moleculares já é realidade em vários programas de melhoramento no mundo. Como exemplo, pode-se citar o mapeamento do locus *PdR1*, responsável pela resistência ao mal de Pierce, causado pela bactéria *Xylella fastidiosa*; essa doença é uma das que mais afetam a cultura da videira na Califórnia. A equipe do laboratório de genética e melhoramento da videira na Universidade da Califórnia em Davis realizou a introgressão desse gene em cultivares elite de uvas de mesa e uvas para vinho e a seleção assistida por marcadores para acelerar o melhoramento para resistência ao mal de Pierce (RIAZ et al., 2009).

Caracterização e identificação de cultivares

Os métodos baseados na análise de DNA têm sido utilizados desde o início da década de 1990 para superar as dificuldades da caracterização de genótipos baseada apenas nas características fenotípicas ou na ampelografia, apresentando muitas vantagens: o DNA pode ser obtido dos mais diversos tecidos vegetais, em qualquer ambiente e época do ano (RIAZ et al., 2007).

RFLP foi utilizado com sucesso por diversos autores para a identificação de cultivares e porta-enxertos de videira. Entretanto, a técnica apresentou limitações relacionadas ao padrão complexo de bandas, baixo nível de polimorfismo nas regiões codantes do genoma e tempo e custo associados ao desenvolvimento das sondas. Com o advento das técnicas baseadas em *polymerase chain reaction* (PCR), observou-se a ampla disseminação de RAPD e *amplified fragment length polymorphism* (AFLP) com os objetivos de caracterização e *fingerprinting* de cultivares de videira.

Marcadores codominantes microssatélites (SSR), uma vez que apresentam alta reprodutibilidade e padronização, permitem a transferência e comparação dos resultados entre diferentes laboratórios, sendo os

marcadores mais recomendados para a caracterização e genotipagem de cultivares de videira.

Thomas et al. (1993) foram os primeiros a investigar o uso de sequências de DNA repetitivas para a identificação de cultivares, observando que essas sequências eram abundantes no genoma da videira e conservadas entre diferentes espécies de *Vitis* e *Muscadinia* (THOMAS; SCOTT, 1993). Eles demonstraram, por meio da análise de pedigree, que os alelos de microssatélite eram herdados em um padrão mendeliano e codominante, confirmando o seu potencial para estudos de mapeamento e diversidade genética (THOMAS et al., 1994).

Outros marcadores foram desenvolvidos posteriormente (BOWERS et al., 1996; 1999a; SEFC et al., 1999), culminando com a formação, em 1997, do *Vitis Microsatellite Consortium* (VMC), composto por 21 grupos de pesquisa em 12 países, e que resultou na identificação de 333 novos marcadores microssatélites obtidos a partir de bibliotecas genômicas enriquecidas (SEFC et al., 2001; RIAZ et al., 2007). Adicionalmente, 118 novos marcadores microssatélites foram isolados a partir de biblioteca genômica de *V. vinifera* L. enriquecida para repetições (AC)_n (DI GASPERO et al., 2005). O desenvolvimento de um conjunto de alelos microssatélite de referência para identificação de cultivares foi proposto mediante a utilização de seis loci microssatélites e 13 cultivares de referência¹. Esse conjunto de seis loci microssatélites: VVMD5, VVMD7 (BOWERS et al., 1996); VVMD27 (BOWERS et al., 1999a); VrZag62, VrZag79 (SEFC et al., 1999) e VVS2 (THOMAS; SCOTT, 1993) são recomendados ainda pelo *Office de la Vigne et du Vin* para elaboração de uma base de dados única contendo os alelos de todas as cultivares de videira conhecidos².

Os marcadores microssatélites têm demonstrado ser uma técnica valiosa para o manejo racional de coleções e bancos de germoplasma, permitindo a identificação de sinônimas e homônimas, *fingerprinting*, caracterização molecular de genótipos, análises de distâncias e similaridades genéticas, como demonstram os resultados obtidos em diferentes coleções nacionais, como Espanha (FERNÁNDEZ-GONZÁLEZ et al., 2007), Portugal

¹ Os resultados estão disponíveis na base de dados <<http://www.eu-vitis.de/index.php>> (THIS et al., 2004).

² As bases de dados publicadas que fornecem informações sobre genotipagem de videira com marcadores microssatélites são: *Grape Microsatellite Collection* (GMC) (<http://meteo.iasma.it/genetica/query.html>), *Greek Vitis Database* (<http://gvd.biology.uoc.gr/gvd/contents/index.htm>) e *Swiss Vitis Microsatellite database* (SVMD) (<http://www1.unine.ch/svmd/>).

(ALMADANIM et al., 2007), Itália (CONSTANTINI et al., 2005), Áustria (SEFC et al., 1998), Irã (FATAHI et al., 2003), Índia (UPADHYAY et al., 2007), Estados Unidos (DANGL et al., 2001), Peru e Argentina (MARTÍNEZ et al., 2006), Chile (NARVÁEZ et al., 2001) e Brasil (LEÃO et al., 2009).

Marcadores microssatélites também têm sido utilizados para a diferenciação de clones intravarietais, embora, em geral, um maior número de *primers* microssatélites seja necessário ou a sua associação com outros marcadores, sendo AFLP especialmente utilizado com esse objetivo.

Reconstrução de pedigrees

A maioria das cultivares de videira existentes atualmente é muito antiga e foi originada por diferentes processos, tais como diferenciação de videiras silvestres, cruzamentos espontâneos entre videiras silvestres e cultivares ou cruzamentos entre cultivares. Cultivares antigas envolvidas nos cruzamentos naturais não podem ser identificadas, uma vez que já não existem na natureza, mas muitas cultivares parentais ainda são cultivadas ou estão preservadas em coleções de germoplasma. Utilizando métodos moleculares, essas cultivares parentais e sua descendência podem ser reconhecidas, possibilitando o estudo de sua origem geográfica e história evolutiva.

Um dos primeiros exemplos de reconstrução de pedigree utilizando marcadores microssatélites foi a surpreendente descoberta de que 'Cabernet Sauvignon' descende de 'Cabernet Franc' e 'Sauvignon Blanc' (BOWERS; MEREDITH, 1997). De acordo com Sefc et al. (1998), 'Sylvaner' é descendente de cruzamento entre 'Traminer' e 'Österreichisch Weiß', uma vez que o cultivo desse último esteve restrito ao leste da Áustria. Isso indica a origem geográfica de 'Sylvaner' naquela região. Importantes cultivares francesas como 'Chardonnay', 'Gamay' e outras 14 cultivares são progênie do cruzamento entre 'Pinot' X 'Gouais Blanc' (BOWERS et al., 1999b). Meredith et al. (1999) concluíram que a cultivar Durif descende do cruzamento entre 'Peloursin' X 'Syrah'. Em um estudo sobre cultivares portuguesas de videira utilizando doze marcadores microssatélites, Magalhães et al. (2003) observaram que o 'Cruzado Rabo de Ovelha' e 'Castelo Branco' são a mesma cultivar e que 'Rabo de Ovelha' é um dos genitores de 'Cruzado Rabo de Ovelha'. 'Cornalin du Valais', originário da Suíça, resultou do cruzamento natural entre 'Petit Rogue' e 'Mayolet' sendo um dos possíveis pais de 'Goram' e 'Cornalin d'Aoste' (VOUILLAMOZ et al., 2003). As cultivares argentinas 'Moscatel Amarillo', 'Torrantes Sanjuanino', 'Torrantes Riojano' e 'Torrantes Mendocino' foram

analisadas com 20 locos microssatélites, o que permitiu a conclusão de que as três primeiras cultivares são progênie de um cruzamento entre 'Moscatel de Alexandria' e 'Criolla Chica', enquanto 'Torrantes Mendocino' descende de 'Moscatel de Alexandria' com outro genitor ainda não identificado (AGÜERO et al., 2003). Segundo Crespan (2003), a utilização de dois marcadores isoenzimáticos, trinta microssatélites nucleares e cinco microssatélites de cloroplasto permitiram identificar a cultivar Muscat de Hamburgo descendente de 'Moscatel de Alexandria' e 'Schiava Grossa'. Os autores mencionaram ainda que microssatélites de cloroplasto são mais precisos nas determinações de relações de pedigree entre cultivares, pois permitem conhecer a direção dos cruzamentos, o que não é possível com marcadores nucleares.

REFERÊNCIAS

ADAM-BLONDON, A. F.; ROUX, C.; CLAUX, D.; BUTTERLIN, G.; MERDINOGLU, D.; THIS, P. Mapping 245 SSR markers on the *Vitis vinifera* genome: a tool for grape genetics. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v.109, n. 5, p.1017-1027, 2004.

AGRANUAL 2009. **Anuário da Agricultura Brasileira**. São Paulo: FNP Consultoria. 2009. 497p.

AGÜERO, C. B.; RODRÍGUEZ, J. G.; MARTÍNEZ, L. E.; DANGL, G. S.; MEREDITH, C. P. Identity and parentage of Torrontés cultivars in Argentina. **American Journal of Enology and Viticulture**, Davis, v. 54, n. 4, p. 318-321, 2003.

AGÜERO, C. B.; URATSU, S. L.; GREVE, C.; POWELL, A. L. T.; LABAVITCH, J. M.; MEREDITH, C. P.; DANDEKAR, A. M. Evaluation of tolerance to pierces disease and *botrytis* in transgenic plants of *Vitis vinifera* L. Expressing the pear PGIP gene. **Molecular Plant Pathology**, Orlando, v.6, n.1, p.43-51, 2005.

ALBUQUERQUE, T. C. S. Videira (*Vitis* sp.). In: CASTRO, P. R. C.; KLUGE, R. A. (Coord.). **Ecofisiologia de fruteiras: abacateiro, aceroleira, macieira, pereira e videira**. Piracicaba: Agronomica Ceres, 2003. p. 93-119.

ALBUQUERQUE, T. C. S. de.; SOUZA, J. S. I. de.; OLIVEIRA, F. Z. de. A expansão da viticultura no Submédio São Francisco. In: SIMPÓSIO LATINO-AMERICANO DE ENOLOGIA E VITICULTURA, 2.; JORNADA LATINO-AMERICANA DE VITICULTURA E ENOLOGIA, 2.; SIMPÓSIO ANUAL DE VITIVINICULTURA, 2., 1987, Garibaldi. **Anais...** Bento Gonçalves: Associação Brasileira de Técnicos em Viticultura e Enologia, 1988. p. 1-8.

ALLEWELDT, G.; SPIEGEL-ROY, P.; REISCH, B. Grapes (*Vitis*). **Acta Horticulturae**, Leuven, n. 290, p. 291-337, 1990.

ALMADANIM, M. C.; BALEIRAS-COUTO, M. M.; PEREIRA, H. S.; CARNEIRO, L. C.; FEVEREIRO, P.; EIRA-DIAS, J. E.; MORAIS-CECILIO, L.; VIEGAS, W.; VELOSO, M. M. Genetic

diversity of the grapevine (*Vitis vinifera* L.) cultivars most utilized for wine production in Portugal. **Vitis**, Siebeldingen, v. 46, n. 3, p.116-119, 2007.

BARKER, C. L.; DONALD, T.; PAUQUET, J.; RATNAPARKHE, M. B.; BOUQUET, A.; ADAM-BLONDON, A. F.; THOMAS, M. R.; DRY, I. Genetic and physical mapping of the grapevine powdery mildew resistance gene, *Run1*, using a bacterial artificial chromosome library. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, n.111, v.2, p.370-377. 2005.

BELLIN, D.; PERESSOTTI, E.; MERDINOGLU, D.; WIEDEMANN-MERDINOGLU, S.; ADAM-BLONDON, A. F.; CIPRIANI, G.; MORGANTE, M.; TESTOLIN, R.; GASPERO, G. DI. Resistance to *Plasmopara viticola* in grapevine Bianca is controlled by a major dominant gene causing localised necrosis at the infection site. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.120, n.1, p.163-176, 2009.

BORGES, R. M. E.; GONÇALVES, N. P. da S.; GOMES, A. P. de O.; ALVES, E. O. dos. Divergência fenotípica entre acessos de uvas de mesa no Semi-Árido brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 43, n. 8, p. 1025-1030. 2008.

BOUQUET, A.; TORREGROSA, L.; IOCCO, P.; THOMAS, M. R. Grapes. In: KOLE, C.; HALL, T. C. (Ed.). **Compendium of transgenic crop plants: transgenic temperate fruits and nuts**. Oxford: Blackwell, 2008. v.4, p. 189-232.

BOURSIQUOT, J. M. Development of methods for the conservation and the management of grape genetic resources. **Acta Horticulturae**, Leuven, n. 528, p. 31-36, 2000.

BOWERS, J.; BOURSIQUOT, J. M.; THIS, P.; CHU, K.; JOHANSSON, H.; MEREDITH, C. P. Historical genetics: the parentage of Chardonnay, Gamay, and other wine grapes of Northeastern France. **Science**, Washington, v. 285, n. 5433, p. 1562-1565, 1999b.

BOWERS, J.; DANGL, J. S.; MEREDITH, C. P. Development and characterization of additional microsatellite DNA markers for grape. **American Journal of Enology and Viticulture**, Davis, v. 50, n. 3, p. 243-246, 1999a.

BOWERS, J.; DANGL, J. S.; VIGNANI, R.; MEREDITH, C. P.; DANGL, J. S.; VIGNANI, R.; MEREDITH, C. P. Isolation and characterization of new polymorphic simple sequence repeat loci in grape (*Vitis vinifera* L.). **Genome**, Ottawa, v. 39, n.4, p. 628-633, 1996.

BOWERS, J.; MEREDITH, C. P. The parentage of a classic wine grape, Cabernet Sauvignon. **Nature Genetics**, New York, v. 16, n.1, p. 84-87, 1997.

CABEZAS, J. A.; CERVERA, M. T.; RUIZ-GARCIA, L.; CARRENO, J. MARTINEZ-ZAPATER, J. M. A genetic analysis of seed and berry weight in grapevine. **Genome** Ottawa, n.49, v.12, p.1572-1585. 2006

CAMARGO, U. A.; RITSCHER, P. S. New table and wine grape cultivars: world scenario with emphasis on Brazil. **Acta Horticulturae**, Leuven, n. 785, p. 89-95, 2008.

CARMONA, M. J.; CHAIB, J.; MARTINEZ-ZAPATER, J. M.; THOMAS, M. R. A molecular genetic perspective of reproductive development in grapevine. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 59, n.15, p.2579-2596, 2008.

CHALFUN, N. N. J.; HOFFMANN, A.; PASQUAL, M. **Frutíferas de clima temperado**. Lavras: UFLA, FAEPE, 1998. 304 p. il.

COLLINS, G.B. ; GROSSER, J.W. Culture of embryos. In: VASIL, I.K. (Ed). **Cell culture and somatic all genetics of plants**. New York: Academic Press, 1984. v.1. p. 241-257.

COSTANTINI, E.; LANDI, L.; SILVESTRONI, O.; PANDOLFINI, T.; SPENA, A.; MEZZETTI, B. Auxin synthesis-encoding transgene enhances grape fecundity. **Plant Physiology**, Minneapolis, v.143, n.4, p.1689-1694, 2007.

COSTANTINI, L.; MONACO, A.; VOUILLAMOZ, J. F.; FORLANI, M.; GRANDO, M. S. Genetic relationships among local *Vitis vinifera* cultivars from Campania (Italy). **Vitis**, Siebeldingen, v. 44, n.1, p. 25-34, 2005.

COSTANTINI, L.; BATTILANA, J.; LAMAJ, F.; FANIZZA, G.; GRANDO, M. S. Berry and phenology-related traits in grapevine (*Vitis vinifera* L.): from quantitative trait loci to underlying genes. **BMC Plant Biology**, London, v.8, n. 1, p. 38, 2008.

CRESPAN, M. The parentage of muscat of Hamburg. **Vitis**, Siebeldingen, v. 42, n. 4, p. 193-197, 2003.

DALBÓ, M. A.; YE, G. N.; WEEDEN, N. F.; REISCH, B. I. QTL analysis of powdery mildew resistance in grapes. **Plant & Animal Genome Conference**, San Diego, n. 5, p. 261, 1997.

DALBÓ, M. A.; YE, G. N.; WEEDEN, N. F.; WILCOX, W. F.; REISCH, B. I. Marker assisted selection for powdery mildew resistance in grapes. **Journal American Society Horticultural Science**, Alexandria, v.126, n.1, p.83-89, 2001.

DALBÓ, M. A.; YE, G. N.; WEEDEN, N. F.; STEINKELLNER, H.; SEFC, K. M.; REISCH, B. I. A gene controlling sex in grapevines placed on a molecular markerbased genetic map. **Genome**, Ottawa, n. 43, p. 333-340, 2000.

DANGL, G. S.; MENDUM, M. L.; BERNARD, H. P.; WALKER, M. A.; MEREDITH, C. P.; SIMON, C. J. Simple sequence repeat analysis of a clonally propagated species: a tool for managing a grape germoplasm collection. **Genome**, Ottawa, v. 44, n.3, p. 432-438, 2001.

DE LATTIN, G. On the origin and distribution of grapes. **Züchter**, Berlin, v. 11, p. 217-225, 1939.

DI GASPERO, G.; DI CIPRIANI, G.; MARRAZZO, M. T.; ANDREETTA, D.; CASTRO, M. J. P.; PETERLUNGER, E.; TESTOLIN, R. Isolation of (AC)n-microsatellites in *Vitis vinifera* L. And analysis of genetic background in grapevines under marked assisted selection. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 15, p. 11-20, 2005.

DI GASPERO, G.; DI CIPRIANI, G.; ADAM-BLONDON, A. F.; TESTOLIN, R. Linkage maps of grapevine displaying the chromosomal locations of 420 microsatellite markers and 82 markers for R - gene candidates. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.114, n.7, p.1249-1263, 2007.

DOLIGEZ, A.; AUDIOT, E.; BAUMES, R.; THIS, P. QTLs for muscat flavor and monoterpenic odorant content in grapevine (*Vitis vinifera* L.). **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 18, n.2, p. 109-125, 2006b.

DOLIGEZ, A.; ADAM-BLONDON, A. F.; CIPRIANI, G.; GASPERO, G.; DI LAUCOU, V.; MERDINOGLU, D.; MEREDITH, C. P.; RIAZ, S.; ROUX, C.; THIS, P. An integrated SSR map of grapevine based on five mapping populations. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 3, n.113, p. 369-382. 2006.

DOLIGEZ, A.; BOUQUET, A.; DANGL, Y.; LAHOUE, F.; RIAZ, S.; MEREDITH, C. P.; EDWARDS, K. J.; THIS, P. Genetic mapping of grapevine (*Vitis vinifera* L.) applied to the detection of QTLs for seedlessness and berry weight. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.105, n.5, p.780-795, 2002.

DORSEY, M. J. Variation in the floral structures of *Vitis*. **Bulletin of the Torrey Botanical Club**, New York, v.39, n.2, p.37-52, 1912.

DOUCLEFF, M.; LIN, Y.; GAO, F.; RIAZ, S.; KRIVANEK, A. F.; WALKER, M. A. A genetic linkage map of grape utilizing *Vitis rupestris* x *Vitis arizonica*. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.109, n.6, p.1178-1187, 2004.

EIBACH, R.; ZYPRIAN, E.; TÖPFER, R. The use of molecular markers for pyramiding resistance genes in grapevine breeding. **Acta Horticulturae**, Leuven, n. 827, p. 551-558, 2009

EMERSHAD, R. L.; RAMMING, D. W. In ovulo embryo culture of *Vitis vinifera* L. cv. "Thompson Seedless". **American Journal of Botany**, New York, v. 71, n.6, p.873-877. 1984.

FATAHI, R.; EBADI, A.; BASSIL, N.; MEHLENBACHER, S. A.; ZAMANI, Z. Characterization of Iranian grapevine cultivars using microsatellite markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 42, n. 4, p. 185-192, 2003.

FERNÁNDEZ-GONZÁLEZ, M.; MENA, A. IZQUIERDO, P.; MARTÍNEZ, J. Genetic characterization of grapevine (*Vitis vinifera* L.) cultivars from Castilla la Mancha (Spain) using microsatellite markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 46, n. 3, p. 126-130, 2007.

FISCHER, B. M.; SALAKHUTDINOV, I.; AKKURT, M.; EIBACH, R.; EDWARDS, K. J.; TOPFER, R.; ZYPRIAN, E. M. Quantitative trait locus analysis of fungal disease resistance factors on a molecular map of grapevine. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.108, n.3, p.501-515, 2004.

FOURNIER-LEVEL, A.; CUNFF, L.; LE GOMEZ, C.; DOLIGEZ, A. A.; GEORGES, A.; ROUX, C.; BERTRAND, Y.; SOUQUET, J. M.; CHEYNIER, V.; THIS, P. Quantitative genetic bases of anthocyanin variation in grape (*Vitis vinifera* L. ssp. *sativa*) berry: a quantitative trait locus to quantitative trait nucleotide integrated study. **Genetics**, Austin, v.183, n.3, p.1127-1139. 2009.

GALET, P. **Grape varieties and rootstocks varieties**. Paris: Oenoplurimédia, 1998. 315 p.

GALET, P. **Précis de viticulture**. Paris: Dehan, 1993. 582p.

- GALET, P. **Cepages et vignobles de France**. 2. ed. Montpellier: Dehan, 1988. v. 1, 533 p.
- GAMBINO, G.; GRIBAUDO, I.; LEOPOLD, S.; SCHARTL, A.; LAIMER, M. Molecular characterization of grapevine plants transformed with GFLV resistance genes (I). **Plant Cell Reports**, Berlin, v. 24, n.11, p.655–662, 2005.
- GARRIS, A.; CLARK, L.; OWENS, C.; MCKAY, S.; LUBY, J.; MATHIASON, K.; FENNELL, A. Mapping of photoperiod-induced growth cessation in the wild grape *Vitis riparia*. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v.134, n.2, p.261–272, 2009.
- GIOVANNINI, E. Fitossanidade: pragas. In: GIOVANNINI, E. **Uva agroecológica**. Porto Alegre: Resnascença, 2001. 136p. il.
- GRANDO, M. S.; BELIN, D.; EDWARDS, K. J.; POZZI, C.; STEFANINI, M.; VELASCO, R. Molecular linkage maps of *Vitis vinifera* L. and *Vitis riparia* Mchx. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, n.106, n.7, p.1213–1224, 2003.
- GRATTAPAGLIA, D.; MACHADO, M. A. Micropropagação. In: TORRES, A. C.; CALDAS, L. S.; BUSO, J. A. **Cultura de tecidos e transformação genética de plantas**. Brasília, DF: EMBRAPA-SPI, 1998. v. 1, p. 184–250.
- GRATTAPAGLIA, D.; SEDEROFF, R. Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using a pseudo-test cross mapping strategy and RAPD markers. **Genetics**, Austin, n.137, n.4, p.1121–1137, 1994.
- HOLDEN, M.; KRASTANOVA, S.; XUE, B.; PANG, S.; SEKIYA, M.; MOMOL, E. A.; GONSALVES, D.; BURR, T. J. Genetic engineering of grape for resistance to crown-gall. **Acta Horticulturae**, Leuven, n.603, p.481–484. 2003.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE FRUTAS. **Frutas frescas**: exportação - importação. Disponível em: <http://www.ibraf.org.br/estatisticas/est_frutas.asp>. Acesso em: 05 mar. 2010.
- INTERNATIONAL RICE GENOME SEQUENCE PROJECT. The map-based sequence of the rice genome. **Nature**, London, v. 436, p.793–800, ago. 2005.
- KOBAYASHI, S.; ISHIMARU, M.; HIRAOA, K.; HONDA, C. Myb-related genes of the Kyoho grape (*Vitis labruscana*) regulate anthocyanin biosynthesis. **Planta**, Berlin, v.215, n.6, p.924–933, 2002.
- KRASTANOVA, S.; PERRIN, M.; BARBIER, P.; DEMANGEAT, G.; CORNUET, P.; BARDONNET, N.; OTTEN, L.; PINCK, L.; WALTER, B. Transformation of grapevine rootstocks with the coat protein gene of grapevine fanleaf nepovirus. **Plant Cell Reports**, Berlin, v.14, n.9, p.550–554, 1995.
- LE GALL, O.; TORREGROSA, L.; DANGLOT, Y.; CANDRESSE, T.; BOUQUET, A. *Agrobacterium*-mediated genetic transformation of grapevine somatic embryos and regeneration of transgenic plants expressing the coat protein of grapevine chrome mosaic nepovirus (GCMV). **Plant Science**, Limerick, v.102, n.2, p.161–170, 1994.

- LEÃO, P. C. de S. **Recursos genéticos de videira (*Vitis* spp.)**: caracterização e análise da diversidade da coleção de germoplasma da Embrapa Semi-Árido. 2008. 114 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.
- LEÃO, P. C. de S.; BORGES, R. M. E. **Melhoramento genético da videira**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2009. 61 p. il. (Embrapa Semiárido. Documentos, 224).
- LEÃO, P. C. de S.; RIAZ, S.; GRAZIANI, R.; DANGL, G. S.; MOTOIKE, S. Y.; WALKER, M. A. Characterization of a Brazilian grape germplasm collection using microsatellite markers. **American Journal of Enology and Viticulture**, Davis, v. 60, n. 4, p. 517–524, 2009.
- LODHI, M. A.; YE, G. N.; WEEDEN, N. F.; REISCH, B. I. A molecular marker based linkage map of *Vitis*. **Genome**, Ottawa, n.38, n.4, p.786–794, 1995.
- LOPES, D. B.; CABRAL, C. P.; NUNES, Y. R.; RODRIGUES, G. L.; COSTA, A. V. S.; COSTA, F. M.; AZEVEDO, A. LEÃO, P. C. de S. Reação de genótipos de videira a epidemias espontâneas de oídio (*Uncinula necator*), nas condições do semi-árido nordestino. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v. 30, p. 150, ago. 2005. Suplemento. Edição dos Rsumos do 38 Congresso Brasileiro de Fitopatologia, Brasília, DF, ago. 2005.
- MAGALHÃES, R.; FARIA, M. A.; SANTOS, N. M. M.; DIAS, J. E. E.; MAGALHÃES, N.; MEREDITH, C. P.; MONTEIRO, F. F. Verifying the identity and parentage of Cruzado de Rabo de Ovelha with microsatellite markers. **American Journal of Enology and Viticulture**, Davis, v. 54, n. 1, p. 56–58, 2003.
- MAGHULY, F.; LEOPOLD, S.; MACHADO, A. D. C.; FERNANDEZ, E. B.; KHAN, M. A.; GAMBINO, G.; GRIBAUDO, I.; SCHARTL, A.; LAIMER, M. Molecular characterization of grapevine plants transformed with GFLV resistance genes II. **Plant Cell Reports**, Berlin, v.25, n.6, p.546–553, 2006.
- MANDL, K.; SANTIAGO, J. L.; HACK, R.; FARDOSSI, A.; REGNER, F. A genetic map of Welschriesling x Sirius for the identification of magnesium-deficiency by QTL analysis. **Euphytica**, Wageningen, n.149, v.1/2, p. 133–144, 2006.
- MANTELL, S.H.; MATTHEWS, J.A.; McKEE, R.A. Técnicas de cultura de tecidos. In: MANTELL, S.H.; MATTHEWS, J.A.; McKEE, R.A. **Princípios de biotecnologia em plantas**: uma introdução à engenharia genética em plantas. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. 1994. p. 101–181.
- MARGUERIT, E.; BOURY, C.; MANICKI, A.; DONNART, M.; BUTTERLIN, G.; NEMORIN, A.; WIEDEMANN-MERDINOGLU, S.; MERDINOGLU, D.; OLLAT, N.; DECROOCQ, S. Genetic dissection of sex determinism, inflorescence morphology and downy mildew resistance in grapevine. **Theoretical and Applied Genetics**. New York, v.118, n. 7, p. 1261–1278, 2009.
- MARTÍNEZ, L. E.; CAVAGNARO, P. F.; MASUELLI, R. W.; ZÚÑIGA, M. SSR-based assessment of genetic diversity in South American *Vitis vinifera* varieties. **Plant Science**, Limerick, v. 170, n.6, p. 1036–1044, 2006.
- MAY, P. **Flowering and fruitset in grapevines**. Adelaide: Lithum Press, 2004, 119 p. il.

MEREDITH, C. P.; BOWERS, J. E.; RIAZ, S.; HANDLEY, V.; BANDMAN, E. B.; DANGL, G. S. The identity and parentage of the variety known in California as Petite Sirah. **American Journal of Enology and Viticulture**, Davis, v. 50, n. 3, p. 236-242, 1999.

MIRANDA FILHO, J. B.; NASS, L. L. Hibridação no melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 603-627.

MOROLDO, M.; PAILLARD, S.; MARCONI, R.; FABRICE, L.; CANAGUIER, A.; CRUAUD, C.; BERARDINIS, V. de; GUICHARD, C.; BRUNAUD, V.; CLAINCHE, I. L.; SCALABRIN, S.; TESTOLIN, R.; DI GASPERO, G.; MORGANTE, M.; ADAM-BLONDON, A. F. A physical map of the heterozygous grapevine 'Cabernet Sauvignon' allows mapping candidate genes for disease resistance. **BMC Plant Biology**, London, n. 8, p. 66, 2008.

NARVÁEZ H., C.; CASTRO P. M. H.; VALENZUELA B. J.; HINRICHSSEN R. P. Patrones genéticos de los cultivares de vides de vinificación más comúnmente usados em Chile basados em marcadores de microssatélites. **Agricultura Técnica**, Chillán, v. 61, n. 3, p. 249-261, 2001.

OLMO, H. P. Grapes. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. (Ed.) **Evolution of crop plants**. 2. ed. Essex: Longman, 1995. p.485-490.

POMMER, C. V.; TERRA, M. M.; PIRES, E. J. P. Cultivares, melhoramento e fisiologia. In: POMMER, C. V.; (Ed.). **Uva: tecnologia de produção, pós-colheita, mercado**. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2003, p.109-319.

RADMANN, E. B.; BIANCHI, V. J. Uva: da antiguidade a mesa de nossos dias. BARBIERI, R. L.; STUMPF, E. R. (Ed.). In: **Origem e evolução de plantas cultivadas**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008, p.891-909.

RAJASEKARAN, K.; MULLINS, M.G. The origin of embryos and plantlets from cultured anthers of hybrid grapevines. **American Journal Enology and Viticulture**, Davis, v. 34, n.2, p.108-113. 1983.

REISCH, B. I.; PRATT, C. Grapes. In: JANICK, J.; MOORE, J. N. (Ed.). **Fruit breeding: vine and small fruits**. New York: John Wiley, 1996. v. 2. p. 297-370.

RIAZ S.; DANGL, G. S.; EDWARDS, K. J.; MEREDITH, C. P. A microsatellite based framework linkage map of *Vitis vinifera* L. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.108, n.5, p.864-872, 2004.

RIAZ, S. **A microsatellite markers based framework linkage map of *Vitis vinifera* and genetic dissection of fruit cluster morphology traits**. 2001. Ph.D. (Dissertation) University of California, Davis.

RIAZ, S.; DOLIGÉZ, A.; HENRY, R. J.; WALKER, M. A. Grape. In: KOLE, C. (Ed.) **Genome mapping and molecular breeding in plants: fruits and nuts**. Berlin: Springer-Verlag, 2007. v. 4, p. 63-101,

RIAZ, S.; TENSCHER, A. C.; RUBIN, J.; GRAZIANI, R.; PAO, S. S.; WALKER, M. A. Fine-scale genetic mapping of two Pierce's disease resistance loci and a major segregation distortion

region on chromosome 14 of grape. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.117, n. 5, p.671-681, 2008.

RIAZ, S.; TENSCHER, A. C.; GRAZIANI, R.; KRIVANEK, A. F.; RAMMING, D. W.; WALKER, M. A. Using marker-assisted selection to breed Pierce's disease-resistant grapes. **American Journal of Enology and Viticulture**, Davis, v.60, n.2, p.199-207, 2009.

SALMASO, M. MALACARNE, G. TROGGIO, M. FAES, G. STEFANINI, M. GRANDO, M. S. VELASCO, R. A grapevine (*Vitis vinifera* L.) genetic map integrating the position of 139 expressed genes. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.116, n.8, p.1129-1143, 2008.

SANFORD, J. C.; JOHNSTON, S. A. The concept of parasite derived resistance: deriving resistance genes from the parasites own genome. **Journal of Theoretical Biology**, London, v.113, n.2, p.395-405, 1985.

SCORZA, R.; CORDTS, J. M.; GRAY, D. J.; GONSALVES, D.; EMERSHAD, R. L.; RAMMING, D. W. Producing transgenic Thompson seedless grape (*Vitis vinifera* L.) plants. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v.121, n.4, p.616-619, 1996.

SEFC, K. M.; LEFORT, F.; GRANDO, M. S.; SCOTT, K. D.; STEINKELLNER, H.; THOMAS, M. R. Microsatellite markers for grapevine: a state of the art. In: ROUBELAKIS-ANGELAKIS, K. A. (Ed.). **Molecular biology & biotechnology of the grapevine**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 2001. p. 433-463.

SEFC, K. M.; REGNER, F.; TURETSCHKE, E.; GLÖSSL, J.; STEINKELLNER, H. Identification of microsatellite sequences in *Vitis riparia* and their applicability for genotyping of different *Vitis* species. **Genome**, Ottawa, v. 42, n.3, p. 367-373, 1999.

SEFC, K. M.; STEINKELLNER, H.; GLÖSSL, J.; KAMPFER, S.; REGNER, F. Reconstruction of a grapevine pedigree by microsatellite analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 97, n.1/2, p. 227-231, 1998.

TAVARES, S. C. C. de H.; AMORIM, L. R. de; MENEZES, W. A. de; CRUZ, S. C. da. Comportamento de uva sem semente perante algumas doenças no Semi-Árido brasileiro. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 15., 1998, Poços de Caldas. **Resumos...** Lavras: UFLA, 1998. p.728.

TAVARES, S.C.C. de H.; MELO, G. C. PEREZ, J.O.; SILVA, W. A.; KARASAWA, M. Fontes de resistência de videira ao oídio no Nordeste brasileiro. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 14.; REUNIÃO INTERAMERICANA DE HORTICULTURA TROPICAL, 42.; SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE MIRTACEA, 1996, Curitiba. **Resumos...** Londrina: IAPAR, 1996, p. 399.

THIS, P.; JUNG, A.; BOCCACCI, P.; BORREGO, P.; BOTTA, R.; COSTANTINI, L.; CRESPIAN, M.; DANGL, G. S.; EISENHOLD, C.; FERREIRA-MONTEIRO, F.; GRANDO, S.; IBÁÑEZ, J.; LACOMBE, T.; LAUCOU, V.; MAGALHÃES, R.; MEREDITH, C. P.; MILANI, N.; PETERLUNGER, E.; REGNER, F.; ZULINI, L.; MAUL, E. Development of a standard set of microsatellite reference alleles for identification of grape cultivars. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 109, n.7, p. 1448-1458, 2004.

THIS, P.; LACOMBE, T.; THOMAS, M. R. Historical origins and genetic diversity of wine grapes. **Trends in Genetics**, Amsterdam, v. 2, n. 9, p. 511-519, 2006.

THOMAS, M. R.; CAIN, P. SCOTT, N. S. DNA typing of grapevines: a universal methodology and database for describing cultivars and evaluating genetic relatedness. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 25, p. 939-949, 1994.

THOMAS, M. R.; MATSUMOTO, S.; CAIN, P.; SCOTT, N. S. Repetitive DNA of grapevine: classes present and sequences suitable for cultivar identification. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 86, n.2/3, p. 173-180, 1993.

THOMAS, M. R.; SCOTT, N. S. Microsatellite repeats in grapevine reveal DNA polymorphisms when analysed as sequence-tagged sites (STSs). **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 86, n.8, p. 985-990, 1993.

TUSKAN, G. A. et al. The genome of black cottonwood, *Populus trichocarpa*. **Science**, Washington, v. 313, n. 5793, p. 1596-1604, 2006.

UPADHYAY, A.; SABOJI, M. D.; REDDY, S.; DEOKAR, K.; KARIBASAPPA, G. S. AFLP and SSR marker analysis of grape rootstocks in Indian grape germplasm. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 112, n.2, p. 176-183, 2007.

VAVILOV, N. I. Studies on the origin of cultivated plants. **Bulletin of Applied Botany, Genetics and Plant Breeding**, Moscow, v. 16, p. 1-248, 1926.

VELASCO, R.; ZHARKIKH, A.; TROGGIO, M.; CARTWRIGHT, D. A.; CESTARO, A.; PRUSS, D.; PINDO, M.; FITZGERALD, L. M.; VEZZULLI, S.; REID, J.; MALACARNE, G.; ILIEV, D.; COPPOLA, G.; WARDELL, B.; MICHELETTI, D.; MACALMA, T. M.; FACCI, M.; MITCHELL, J. T.; PERAZZOLLI, M.; ELDREDGE, G.; GATTO, P.; OYZERSKI, R.; MORETTO, M.; GUTIN, N.; STEFANINI, M.; CHEN, Y.; SEGALA, C.; DAVENPORT, C.; DEMATTÈ, L.; MRAZ, A.; BATTILANA, J.; STORMO, K.; COSTA, F.; TAO, Q.; SI-AMMOUR, A.; HARKINS, T.; LACKEY, A.; PERBOST, C.; TAILLON, B.; STELLA, A.; SOLOVYEV, V.; FAWCETT, J. A.; STERCK, L.; VANDEPOELE, K.; GRANDO, M. S.; TOPPO, S.; MOSER, C.; LANCHBURY, J.; BOGDEN, R.; SKOLNICK, M.; SGARAMELLA, V.; BHATNAGAR, S. K.; FONTANA, P.; GUTIN, A.; VAN DE PEER, Y.; SALAMINI, F.; VIOLA, R. High quality draft consensus sequence of the genome of a heterozygous grapevine variety. **PLoS ONE**, San Francisco, v.12, n.2, p.1326, 2007.

VIDAL, J. R.; KIKKERT, J. R.; WALLACE, P. G.; REISCH, B. I. High-efficiency biolistic co-transformation and regeneration of Chardonnay (*Vitis vinifera* L.) containing *npt-II* and antimicrobial peptide genes. **Plant Cell Reports**, Berlin, v.22, n.4, p.252-260, 2003.

VIGNANI, R.; SCALI, M.; MASI, E.; CRESTI, M. Genomic variability in *Vitis vinifera* L. "Sangiovese" assessed by microsatellite and non-radioactive AFLP test. **EJB - Eletronic Journal of Biotechnology**, Valparaíso, v. 5, n. 1, p. 1-11, 2002.

VOUILLAMOZ, J. F.; MAIGTE, D.; MEREDITH, C. P. Microsatellite analysis of ancient alpine cultivars: pedigree reconstruction of *Vitis vinifera* L. Cornalin du Valais. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 107, n.3, p. 448-454, 2003.

WELTER, L. J.; AKKURT, M.; SALAKHUTDINOV, I.; GOKTURK-BAYDAR, N.; EIBACH, R.; TOPFER, R.; ZYPRIAN, E. Integration of microsatellite- and functional gene-based markers

for the improvement of a grapevine genetic map. **Acta Horticulturae**, Leuven, n.827, p.77-82, 2009.

WELTER, L. J.; GOKTURK-BAYDAR, N.; AKKURT, M.; MAUL, E.; EIBACH, R.; TOPFER, R.; ZYPRIAN, E. M. Genetic mapping and localization of quantitative trait loci affecting fungal disease resistance and leaf morphology in grapevine (*Vitis vinifera* L.). **Molecular Breeding**, Heidelberg, n. 20, v. 4, p. 359-374, 2007.

XU, K.; RIAZ, S.; RONCORONI, N. C.; JIN, Y.; HU, R.; ZHOU, R.; WALKER, M. A. Genetic and qtl analysis of resistance to xiphinema index in a grapevine cross. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, n. 116, v. 2, p. 305-311, 2007.

YAMAMOTO, T.; IKETANI, H.; IEKI, H.; NISHIZAWA, Y.; NOTSUKA, K.; HIBI, T.; HAYASHI, T.; MATSUTA, N. Transgenic grapevine plants expressing a rice chitinase with enhanced resistance to fungal pathogens. **Plant Cell Reports**, Berlin, v.19, n.7, p.639-646. 2000.