

PATRÍCIA COELHO DE SOUZA LEÃO

**RECURSOS GENÉTICOS DE VIDEIRA (*Vitis* spp.): ANÁLISE
DA DIVERSIDADE E CARACTERIZAÇÃO DA COLEÇÃO DE
GERMOPLASMA DA EMBRAPA SEMI-ÁRIDO**

Tese apresentada à Universidade Federal
de Viçosa como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em Genética
e Melhoramento para obtenção do título
de *Doctor Scientiae*.

**VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2008**

PATRÍCIA COELHO DE SOUZA LEÃO

**RECURSOS GENÉTICOS DE VIDEIRA (*Vitis* spp.): ANÁLISE DA
DIVERSIDADE E MANEJO DA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA
DA EMBRAPA SEMI-ÁRIDO**

Tese apresentada à Universidade Federal
de Viçosa como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em Genética
e Melhoramento para obtenção do título de
Doctor Scientiae.

APROVADA: 16 de dezembro de 2008

**Prof. Cosme Damião Cruz
(Co-orientador)**

**Prof. Cláudio Horst Bruckner
(Co-orientador)**

Prof. Alexandre Pio Viana

Dra. Eveline Teixeira Caixeta

**Prof. Sérgio Motoike
(Orientador)**

Ao meu amor,
A minha flor,
A minha pequena,
Mária Luísa

Dedico

AGRADECIMENTOS

A DEUS, pela infinita graça, amor e misericórdia em minha vida.

Ao meu esposo, Eduardo C. Bastos, pelo amor, compreensão e companheirismo demonstrados em todos os momentos de realização deste doutorado.

Aos meus pais, Antônio F. de Souza Leão Veiga e Margarida M. Coelho de Souza Leão pelo esforço e incentivo para a minha qualificação profissional, mas, sobretudo, pelos seus valores humanos, éticos e exemplos de vida.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade de realização do curso.

À Universidade da Califórnia, Davis (UC Davis), Departamento de Viticultura e Enologia pela acolhida para realização de parte da pesquisa da tese ('doutorado sandwich').

À Embrapa pela concessão de licença, bolsa e recursos financeiros para realização do doutorado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa no exterior através do programa de estágio de doutorando PDEE.

Aos laboratórios de genética e melhoramento de videira (*Walker lab*) da UC Davis e de genética, da Embrapa Semi-Árido, pela disponibilização de espaço físico, equipamentos e materiais, imprescindíveis para a realização da pesquisa.

Ao Prof. Sérgio Motoike pelo apoio e incentivo em todas as etapas do curso.

Ao Prof. Cosme Damião Cruz pela valiosa colaboração na realização das análises estatísticas.

Ao Prof. Andrew Walker e pesquisadores da UC Davis, Summaira Riaz e Jerry Dangl pela amizade, orientação e ensinamentos.

Aos colegas pesquisadores da Embrapa Semi-Árido, Carlos Antônio e Rita Mércia e bolsistas, Ana Patrícia, Pollyana, Elaine, Roberta e Marciane, pela colaboração na realização dos trabalhos de pesquisa.

As bibliotecárias da Embrapa Semi-Árido, Helena e Gislene pela colaboração na revisão das 'Referências Bibliográficas'.

Ao professor Manoel Abílio e a doutoranda Maria Luciene, pela colaboração na realização dos PCRs.

Aos colegas de curso na UFV, em especial, Juliano, Eliza, Patrícia, Wellington e Marília e na UC Davis, Summaira, Rita, Rong, Sonnet e Dan, pela convivência agradável e apoio.

Aos nossos amigos brasileiros nos Estados Unidos, Juliano, Rose, Walmir e Mayumi, Paulo e Ana, Marília e Tina, que tornaram mais alegres este tempo longe da família.

A todos aqueles, professores, pesquisadores, funcionários da Embrapa, estagiários, que mesmo sem terem sido nomeados contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

Patrícia Coelho de Souza Leão, filha de Antônio Fernando de Souza Leão Veiga e Margarida Maria Coelho de Souza Leão, nasceu em 31 de agosto de 1970, em Recife, PE.

Em fevereiro de 1993 graduou-se em agronomia pela Universidade Federal Rural de Pernambuco.

Em dezembro de 1994 ingressou como técnica especializada na Embrapa Semi-Árido, em Petrolina, PE, passando ao cargo de pesquisadora através de concurso público em 2001.

Em novembro de 1999 concluiu o mestrado na Universidade Estadual Paulista, em Jaboticabal, São Paulo, defendendo a dissertação 'Avaliação do comportamento fenológico e produtivo de seis variedades de uvas sem sementes no Vale do Rio São Francisco'.

Em março de 2005 ingressou no curso de doutorado do programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa de tese em 16 de dezembro de 2008.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Aspectos Taxonômicos.....	3
2.2. Recursos Genéticos.....	4
2.3. Emprego de marcadores moleculares no manejo de germoplasma.....	6
2.4. Estimação da diversidade genética.....	16
 CAPÍTULO 1	
ANÁLISE DE DIVERSIDADE ENTRE ACESSOS DE UMA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE VIDEIRA (<i>Vitis</i> spp.) BASEADA EM CARACTERES MORFO-AGRONÔMICOS	
1. INTRODUÇÃO	21
2. MATERIAL E MÉTODOS	23
2.1. Material vegetal.....	23
2.2. Caracteres fenotípicos avaliados.....	23
2.3. Análises estatísticas.....	31
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
3.1. Diversidade genética de acessos de uvas de mesa.....	34
3.1.1. Caracteres morfo-agronômicos de variação contínua.....	34
3.1.2. Caracteres morfo-agronômicos de variáveis multicategóricas.....	45
3.2. Diversidade genética de acessos de uvas para processamento.....	47
3.2.1. Caracteres morfo-agronômicos de variação contínua	47
3.2.2. Caracteres morfo-agronômicos de variáveis multicategóricas.....	54
3.3. Correlações entre as medidas de dissimilaridade.....	55
4. CONCLUSÕES	57

CAPÍTULO 2

SELEÇÃO DE GENITORES DE UVAS DE MESA COM BASE EM CARACTERES MOLECULARES DO TIPO RAPD E MICROSATÉLITES

1. INTRODUÇÃO.....	59
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	61
2.1. <i>Material vegetal.....</i>	<i>61</i>
2.2. <i>Extração do DNA genômico.....</i>	<i>61</i>
2.3. <i>Condições de amplificação.....</i>	<i>62</i>
2.4. <i>Análises estatísticas.....</i>	<i>63</i>
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	64
4. CONCLUSÕES.....	76

CAPÍTULO 3

CARACTERIZAÇÃO DA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE Videira da EMBRAPA SEMI-ÁRIDO UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES MICROSATÉLITES

1. INTRODUÇÃO.....	78
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	80
2.1. <i>Material vegetal.....</i>	<i>80</i>
2.2. <i>Extração de DNA.....</i>	<i>80</i>
2.3. <i>Análise de microsátélites.....</i>	<i>80</i>
2.4. <i>Análise dos dados.....</i>	<i>81</i>
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	82
4. CONCLUSÕES.....	86
APÊNDICE.....	94
3. CONCLUSÕES GERAIS.....	98
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	100

RESUMO

LEÃO, Patrícia Coelho de Souza, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, dezembro de 2008. **Recursos genéticos de videira (*Vitis* spp.): análise da diversidade e caracterização da coleção de germoplasma da Embrapa Semi-Árido.** Orientador: Sérgio Yoshimitsu Motoike. Co-orientadores: Cosme Damião Cruz e Cláudio Horst Bruckner.

A videira é a terceira fruteira em importância econômica no mundo, utilizada para consumo *in natura*, passas e elaboração de vinhos e sucos. A conservação e caracterização dos recursos genéticos de videira em bancos de germoplasma tem sido a base para a sua utilização nos programas de melhoramento, que resultam no desenvolvimento de novas cultivares, estimando-se a existência de pelo menos 10.000 cultivares de *Vitis* spp. mantidas em coleções de germoplasma. O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética presente na coleção de germoplasma de videira da Embrapa Semi-Árido, em Juazeiro, BA com base em características morfo-agronômicas de variação contínua e discreta, bem como, realizar o *fingerprinting* de 221 acessos da coleção utilizando marcadores moleculares microsatélites. As técnicas multivariadas utilizadas, componentes principais, método de otimização de Tocher, UPGMA e projeção gráfica das distâncias, foram eficientes no agrupamento dos genótipos mais similares, de acordo com as suas características fenotípicas, ou com base em sua genealogia e origem. O grau de concordância entre os grupos obtidos pelos diferentes métodos foi superior quando se utilizou a análise de dados de marcadores moleculares microsatélites. A caracterização de 202 acessos utilizando-se descritores morfo-agronômicos de variação contínua resultou na formação de 30 e 12 grupos, respectivamente, entre os acessos de uvas de mesa e de vinho. Os acessos de uvas de mesa apresentaram maior variabilidade genética que os acessos de uvas de vinho. Por sua vez, os grupos obtidos pela análise dos descritores de variáveis multicategóricas foram nove para os acessos de uvas de mesa e oito para os acessos de uvas de vinho. Não houve concordância entre os grupos obtidos pela análise de descritores fenotípicos contínuos e discretos, independente do método de agrupamento utilizado. Um conjunto de 47 acessos de uvas de mesa foi analisado por meio de marcadores moleculares RAPD e microsatélites, obtendo-se a formação de grupos baseado na genealogia e origem dos acessos. Os marcadores microsatélites foram mais eficientes que RAPD na identificação das relações de parentesco. As informações de distância genética baseada em características morfo-agronômicas e

moleculares aliada ao desempenho agronômico das cultivares permitiram a recomendação de cruzamentos, visando à obtenção de híbridos superiores nas populações segregantes do programa de melhoramento de videira da Embrapa Semi-Árido. Cento e oitenta e sete acessos de videira foram genotipados com sete marcadores microsátélites: VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVMD31, VrZAG79 e VrZAG62. Os perfis alélicos obtidos foram comparados com àqueles da base de dados da Universidade da Califórnia, Davis, utilizada como referência neste trabalho, bem como com outras bases de dados internacionais. Os genótipos foram separados em três grupos: o grupo 1, contendo 86 acessos cujos nomes de registro na coleção foram confirmados pela comparação de seus perfis moleculares; o grupo 2, contendo 30 acessos, cujos nomes de registro na coleção da Embrapa Semi-Árido devem ser corrigidos, pois os seus perfis moleculares corresponderam ao de genótipos com nomes distintos nas bases de dados; e o grupo 3, incluindo 71 acessos, compreendeu os genótipos cujo *fingerprint* foi realizado pela primeira vez neste trabalho, para os quais ainda não existem perfis alélicos de referência disponível nas bases de dados e literatura consultadas. Foram confirmados dez casos de sinonímias: 'Tinta Roriz' e 'Tempranillo', 'Thompson Seedless' e 'Sultanina Branca', 'Thompson Seedless' e 'Catalunha', 'Emperatriz' e 'CG28467', 'Aurora' e 'IAC 77526', 'Damarim' e 'CG 40016', 'Dacari' e 'CG 102024', 'Moscatuel' e 'CG 102295', 'Emperatriz' e 'CG 28467', 'Baviera' e 'CG26916'. A análise indireta baseada em pedigree demonstrou que os acessos 'Ângelo Pirovano', 'BRS Rubea', 'CG 33716', 'Feal' e 'Ferlongo' apresentaram perfis moleculares diferentes de um ou ambos parentais, não estando corretamente identificados na coleção. Os acessos 'BRS Morena', 'CG38049', 'CG 26858', 'Marroo Seedless', 'Moscatel Nazareno' e 'Reliance' apresentaram perfis alélicos que corresponderam aos perfis de ambos parentais, estando corretamente identificados na coleção, eles podem ser utilizados como referências validadas. Os resultados obtidos geraram uma base de dados robusta de perfis moleculares de microsátélites de 187 acessos da coleção de germoplasma da Embrapa Semi-Árido, os quais aliados à caracterização morfo-agronômica fornecem as informações necessárias para a identificação de cultivares. Os erros de denominação e sinonímias identificados permitem a validação genética dos acessos visando o manejo racional da coleção de germoplasma e o seu uso para fins de intercâmbio de germoplasma e melhoramento genético.

ABSTRACT

LEÃO, Patrícia Coelho de Souza, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, dezembro de 2008. **Genetic resources of grapes (*Vitis* spp.): analysis of diversity and characterization of the germplasm collection of Embrapa Semi-Árido.** Adviser: Sérgio Yoshimitsu Motoike. Co-advisers: Cosme Damião Cruz and Cláudio Horst Bruckner.

The grapevine is the third fruit in economic importance in the world, used as table grape, as well as to produce raisins, wines and juices. The conservation and characterization of the grapevine genetic resources in germplasm banks have been the basis for the grape breeding programmes, resulting in the development of new cultivars. It is estimated that there are at least 10.000 cultivars of *Vitis* spp. in germplasm banks around the world. This study aimed to evaluate the genetic diversity in the grapevine germplasm collection of Embrapa Semi-Árido in Juazeiro, BA and obtain the fingerprinting for 221 grapevine acessions using microsatellites markers. The multivariate statistics used in this study such as, main components, Tocher, UPGMA and graphic projection of distances, were efficient to cluster the genotypes more similar, according to their phenotypic characteristics, or based on their genealogy and origin. The degree of agreement between the groups obtained by different methods was higher when using the analysis of data from microsatellite molecular markers. The characterization of 202 acessions using morpho-agronomic descriptors resulted in the formation of thirty and twelve groups, respectively, among the table grapes and wine acessions. The table grapes had greater genetic variability than the wine grapes. On the other hand, it was obtained nine and eight groups, respectively for table and wine acessions, by the analysis of the discrete phenotypic descriptors. There was no correlation between the groups obtained by the analysis of discrete and continuous phenotypic descriptors, regardless of the clustering method. A set of 47 acessions of table grapes was analyzed by RAPD and microsatellite molecular markers, and the groups obtained were based on pedigree and origin of the acessions. The microsatellite markers were more efficient than RAPD in identifying the parental/progeny relationship. The information from genetic distance based on morpho-agronomic characteristics and molecular data coupled with agronomic performance of cultivars allowed the recommendation of crosses, in order to obtain superior hybrids in the grape breeding program of Embrapa Semi-Árido. One hundred and eighty-seven grapevine acessions were genotyped with seven microsatellite markers: VVS2,

VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVMD31, VrZAG79 and VrZAG62. The allelic profile were compared with those of the database at the University of California, Davis, used as reference in this work, as well as other international databases. The genotypes were separated into three groups: group 1, was formed by 86 acessions that are properly identified in the collection; group 2, contained 30 genotypes that are not properly identified in the collection and group 3, included 71 unique genotypes, whose fingerprinting was analyzed for the first time in this work, for which there are not yet available reference allelic profiles in databases and literature consulted. There were ten confirmed cases of synonyms: 'Tinta Roriz' e 'Tempranillo', 'Thompson Seedless' e 'Sultanina Branca', 'Thompson Seedless' e 'Catalunha', 'Emperatriz' e 'CG28467', 'Aurora' e 'IAC 77526', 'Damarim' e 'CG 40016', 'Dacari' e 'CG 102024', 'Moscatuel' e 'CG 102295', 'Emperatriz' e 'CG 28467', 'Baviera' e 'CG26916'. The indirect analysis based on pedigree has demonstrated the accessions 'Ângelo Pirovano', 'BRS Rubea', 'CG 33716', 'Feal' e 'Ferlongo' showed allelic profiles different of the profiles of one or both parentals, which means they are not properly identified in the collection. Parentage analysis did confirm the identity of six cultivars (BRS Morena, CG 26858, CG 38049, Marroo Seedless, Moscatel Nazareno, and Reliance), allowing the SSR profiles presented here to be used as a valid reference for these cultivars. The results generated a robust database of microsatellite molecular profiles of 187 genotypes from the grapevine germplasm collection of Embrapa Semi-Arido, which coupled to morph-agronomic characterization, provide the necessary information for the cultivars identification. The denomination errors and synonymies identified in this study allow the genetic validation of the genotypes aimed the rational management of the collection and its use for the germplasm exchange and breeding.

1. INTRODUÇÃO

A videira destaca-se entre as mais importantes espécies vegetais, sendo a terceira fruteira em importância econômica no mundo. Em 2007, a superfície mundial cultivada com videiras foi de 7.871.000 ha (Organización Internacional de la Viña y el Vino, 2008). O Brasil ocupa a 9ª colocação entre os produtores mundiais de uvas de mesa e 17ª posição na produção de vinhos (Organización Internacional de la Viña y el Vino, 2008).

A produção de uvas no Brasil cresceu na ordem de 48,4% nos últimos 10 anos. Os principais Estados produtores são Rio Grande do Sul (705.228 t), São Paulo (193.023 t), Pernambuco (156.685 t) e Bahia (120.629 t) (AGRIANUAL, 2008). Atualmente a uva é a principal fruta exportada pelo Brasil, rendendo 169,7 milhões de dólares para a balança comercial brasileira em 2007 (IBRAF, 2008). Em 2007, 52,98% da uva produzida no Brasil foi destinada ao mercado de consumo *in natura*, destacando-se nesta modalidade, duas regiões de produção importantes: São Paulo e o Vale do Submédio São Francisco.

A vitivinicultura no Vale do Submédio São Francisco é baseada na espécie *V. vinifera* L. Os principais cultivares de mesa são Itália, Benitaka, Red Globe, Sugraone, Thompson Seedless e Crimson Seedless. Para elaboração de vinhos destacam-se Petite Syrah, Cabernet Sauvignon, Chenin Blanc, Sauvignon Blanc e Moscato Canelli. Atualmente a região responde por 95% dos volumes de uva de mesa exportados pelo Brasil (IBRAF, 2008).

O êxito da viticultura mundial encontra fatores limitantes em problemas regionais, relacionados a estresses abióticos e bióticos. O melhoramento genético para obtenção de cultivares mais adaptadas têm sido, desde o século XIX, um dos meios mais eficientes para superar estes problemas e desenvolver a viticultura em regiões onde as condições ambientais não são favoráveis ao seu cultivo. A viticultura no Vale do Submédio São Francisco se desenvolveu com base em cultivares procedentes de regiões de clima temperado, os quais apresentaram dificuldades de adaptação devido à suscetibilidade a doenças e a ocorrência de chuva na época de maturação dos frutos. Para superar esses aspectos negativos, o cultivo, sobretudo de cultivares de uvas sem sementes, tornou-se complexo, exigindo um aumento da mão de obra e insumos. A necessidade de desenvolvimento de cultivares locais adaptadas às condições tropicais do semi-árido brasileiro, com elevada produtividade e qualidade de frutos é uma das principais demandas do agronegócio da vitivinicultura (Inova Nordeste, 2005).

A viticultura no Vale do Submédio São Francisco evoluiu em uma estreita base genética, com a utilização de aproximadamente dez cultivares de uma única espécie (*V. vinífera*), os quais representam atualmente mais de 90% da área cultivada. Este aspecto é preocupante do ponto de vista da sustentabilidade da atividade vitivinícola, pois está constantemente submetida a um elevado risco de introdução de doenças e pragas, os quais podem causar grandes prejuízos à viticultura regional. Exemplos recentes desses prejuízos foram aqueles causados pelo cancro bacteriano (*Xanthomonas campestris* pv. *viticola*), que resultou em perdas consideráveis e redução drástica das áreas cultivadas com a cv. Red Globe (Lima et al., 1999). Outros riscos fitossanitários eminentes nos últimos anos foram à ferrugem da videira e a ocorrência da pérola-da-terra identificada em vinhedos da região.

O sucesso dos programas de melhoramento da videira depende da diversidade de *Vitis* spp., os quais devem incluir fontes de resistência às pragas e doenças. Conservar esta diversidade é uma necessidade e uma obrigação das instituições de pesquisa, que se dedicam ao melhoramento genético da videira.

Espécies heterozigotas, como a videira, são conservadas em bancos ativos, no campo, ou *in vitro*, sendo a conservação em bancos de germoplasma no campo o método mais usual. Bancos de germoplasma devem ser continuamente avaliados e sua ampliação deve ser feita de forma criteriosa, evitando-se duplicatas e erros de identificação. Neste sentido, os estudos de diversidade genética são fundamentais para o manejo racional das coleções de germoplasma, como também, para fornecer informações necessárias sobre os genótipos mais divergentes, orientando cruzamentos e aumentando a eficiência dos programas de melhoramento.

Os objetivos deste trabalho foram avaliar a diversidade genética presente na coleção de germoplasma de videira da EMBRAPA Semi-Árido, em Juazeiro, BA, utilizando diferentes estratégias, como a caracterização de descritores fenotípicos de variação contínua e multicategóricos, bem como marcadores moleculares RAPD e microsátélites. Com os resultados obtidos pretende-se: a) orientar a realização dos cruzamentos no âmbito do programa de melhoramento da videira com base nas informações de distâncias genéticas entre os acessos da coleção; b) utilizar as informações geradas pela caracterização fenotípica e molecular para o manejo racional da coleção de germoplasma; e c) utilizar a base de dados moleculares como subsídio ao programa de melhoramento da Embrapa Semi-Árido, bem como, à identificação genética de cultivares, para fins de rastreabilidade, certificação de mudas por viveristas e de vinhedos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Aspectos Taxonômicos

A videira pertence à família *Vitaceae* que compreende 19 gêneros e 1126 espécies (Galet, 1998). O gênero *Vitis* é o mais antigo, de maior importância econômica e o único que possui frutos comestíveis. Caracteriza-se por apresentar plantas trepadeiras perenes, monóicas ou dióicas. As inflorescências são opostas às folhas e as flores podem ser hermafroditas perfeitas, masculinas ou femininas. Este gênero está subdividido em duas seções: *Muscadinia* Planch ($2n = 40$) e *Euvitis* Planch ($2n = 38$). A seção *Muscadinia* é nativa do Sudeste dos Estados Unidos e México e possui três espécies conhecidas, *Vitis rotundifolia* Michaux, *Vitis munsoniana* Simpson e *Vitis popenoi* Fennell (Galet, 1998). 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 esta seção, uma importante fonte de genes de resistência a doenças. Por outro lado, a qualidade dos frutos de *Muscadinia rotundifolia* têm sido melhorada pelo seu cruzamento com *V. vinifera* L.

O número de espécies pertencentes à seção *Euvitis* varia entre os autores, pois não existe um consenso entre botânicos sistemáticos e ampelografistas sobre o que pode ser considerado como espécies, variantes ou formas híbridas. O gênero *Vitis* compreende mais de 70 espécies que estão agrupadas em três centros de origem distintos de acordo com a classificação de Vavilov (1929): Sul da Europa e Ásia Menor, Leste da Ásia e Américas do Norte e Central. Segundo De Lattin (1939), as espécies de *Euvitis* podem ser agrupadas em nove seções, incluindo 18 espécies da América do Norte. A classificação de Bailey (1934) e Galet (1988) compreende 28 espécies americanas. O grupo asiático inclui até 30 espécies nativas de uma vasta área que abrange o leste da Ásia, China, Japão até o Sul na ilha de Java, destacando-se a espécie *Vitis amurensis* Rupr. como a mais conhecida e também por possuir frutos comestíveis (Reisch e Pratt, 1996). 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, oeste da Turquia e Israel é considerada o ancestral dos cultivares atuais, podendo ainda ser encontrada em seu habitat natural, crescendo sobre a copa das árvores. A segunda, subespécie *caucasia* Vav., é encontrada na Bessarabia, Sul da Rússia, Armênia, Caucásia, Anatólia, Irã, Turquestão e Kashmir (De Lattin, 1939). Por sua vez, a videira cultivada é denominada de subespécie *ssp. sativa* D.C.

A espécie *Vitis vinifera* L. destaca-se pela sua importância econômica e elevada diversidade morfológica e genética. A facilidade de propagação assexuada deu origem a um

número estimado em 14.000 cultivares, com diferentes finalidades: consumo *in natura*, passas, sucos e vinhos (Alleweldt et al., 1990). Segundo Alleweldt e Dettweiler (1994), o número de cultivares de videiras mantidas em coleções de germoplasma pode ser estimado em aproximadamente 10.000. Entretanto, o estudo dos perfis alélicos utilizando marcadores microsatélites têm demonstrado inúmeros casos de sinonímias e homonímias, revelando a verdadeira extensão da diversidade genética desta espécie, levando This et al. (2006) a uma estimativa de 5.000 cultivares de *Vitis vinifera* L.

Os cruzamentos e as mutações naturais desempenharam um papel fundamental na evolução da videira cultivada. A propagação vegetativa permitiu o acúmulo de mutações ao longo do tempo, com variações nas folhas, flores e bagas, que têm sido selecionados como clones ou novos cultivares, aumentando o número de cultivares de videira existentes (This et al., 2006).

A origem dos mais importantes cultivares de *V. vinifera* é descrita como antiga, muito antiga ou de tempos imemoriais. Reisch e Pratt (1996) mencionam que a cv. Muscat de Frontignan era conhecida pelos gregos e romanos. 'Syrah' supostamente foi introduzida pelas legiões romanas no Vale do Rhone, na França. 'Chenin Blanc' era conhecida desde o ano 845.

A origem das cultivares de uvas de mesa é diferente, pois estas já eram consumidos *in natura* antes da elaboração dos primeiros vinhos. Os primeiros vinhedos europeus incluíam diferentes cultivares de uvas de mesa e para vinho, consumidos pela própria família do viticultor, sendo o excedente comercializado. Atualmente, alguns dos mais importantes cultivares para vinho comercializados na Europa também estão entre os mais importantes para consumo como fruta fresca como 'Golden Chasselas' e 'Muscat de Alexandria' (Reisch e Pratt, 1996). Reisch e Pratt (1996) mencionaram que as mais importantes introduções de cultivares de uvas de mesa realizadas no século XX foram resultado de programas de melhoramento, são elas: 'Itália' ('Pirovano 65'), 'Cardinal', 'Perlette' e 'Flame Seedless'. As principais características morfológicas e outras informações sobre uma lista de cultivares podem ser acessadas *on line* em diversas bases de dados internacionais (<http://www.montpellier.inra.fr/vassal/>; <http://www.vivc.bafz.de/index.php>; <http://www3.genres.de/eccdb/vitis/>; <http://gvd.biology.uoc.gr/gvd/index.htm>; <http://www.ngr.ucdavis.edu/>).

2.2. Recursos genéticos

Os recursos genéticos vegetais para alimentação e agricultura são à base da agricultura sustentável e segurança alimentar mundial. Esta compreende a diversidade

genética contida em variedades tradicionais, cultivares modernas, parentes selvagens das espécies cultivadas e outras espécies selvagens. O germoplasma é a soma de todos os materiais hereditários de uma espécie, ou seja, de indivíduos representativos de um tipo, espécie ou cultivo, que sejam passíveis de serem mantidos em um sistema de reposição, visando a sua conservação, pesquisa e melhoramento (Vilela-Morales et al., 1997). Segundo Ashley (1992), a conservação do germoplasma implica a utilização de métodos de coleta visando capturar a máxima variação genética, bem como, de técnicas que minimizem as perdas ao longo do tempo. A conservação dos recursos genéticos vegetais compreende a coleta, conservação, manejo, identificação de materiais com valor potencial e uso subsequente por meio da caracterização e avaliação (Rao, 2004).

Para a conservação dos recursos genéticos são utilizados os métodos de conservação *in situ* e *ex situ*, os quais são complementares. A escolha do método depende de aspectos relacionados à espécie. A conservação *in situ* é a manutenção dos recursos genéticos nos seus habitats naturais, como comunidades de plantas não cultivadas ou silvestres e espécies cultivadas em fazendas como componentes de sistemas agrícolas tradicionais (Rao, 2004). A conservação *ex situ* é a manutenção do germoplasma fora de seu habitat natural, sem riscos de alterações na sua constituição genética, minimizando as possibilidades de mutação, seleção, deriva genética e contaminação (Karp et al., 1997). Para muitas espécies a conservação *ex situ* é realizada pelo armazenamento de sementes por longos períodos a baixas temperatura e umidade. Contudo, para a videira, e outras espécies propagadas vegetativamente ou que possuem sementes recalcitrantes, a conservação *ex situ* é realizada pela formação de bancos de genes ou bancos de germoplasma no campo (Painting et al., 1993; Boursiquot, 2000).

Em coleções no campo, de duas a dez plantas de cada genótipo de videira (espécies, híbridos, cultivares e clones) propagados vegetativamente são mantidos vivos. Desta forma, a manutenção e o manejo das coleções de germoplasma no campo são trabalhosos e requerem disponibilidade de área, recursos humanos e financeiros. Os bancos de germoplasma no campo são também expostos aos riscos de perda por calamidades naturais, pragas e doenças. Por este motivo é importante a manutenção de réplicas das coleções vivas utilizando estratégias alternativas, como a conservação *in vitro* (criopreservação) e a conservação *in situ*.

A origem da maioria das cultivares de *V. vinifera* L. é antiga e desconhecida. A sua variabilidade genética é resultado de eventos de cruzamentos espontâneos que ocorreram ao longo dos séculos de domesticação e cultivo desta espécie (Dangl et al., 2001; Vignani et al., 2002). Esta variabilidade foi perpetuada e disseminada para as mais diversas regiões do mundo, por meio da propagação vegetativa. Desta forma, um dos grandes problemas

existentes nos bancos de germoplasma de videira é a ocorrência de sinonímias, nos quais genótipos idênticos recebem diferentes denominações, de acordo com o seu local de cultivo. Algumas cultivares possuem até cem sinonímias (<http://www.genres.de/idb/vitis>). Por outro lado, também são comuns os casos de homonímias, quando plantas consideradas fenotipicamente idênticas, são na verdade, plantas geneticamente relacionadas ou aparentadas. Estes fatos dificultam a identificação correta dos cultivares, o que é um requisito básico para o manejo e uso racional do germoplasma.

A identificação de cultivares e caracterização do germoplasma de videira têm sido tradicionalmente baseados na ampelografia (*ampelos* – videira e *graphos* – descrição), ou seja, análise e comparação de características morfológicas de folhas, ápices de brotos, cachos e bagas (*International Plant Genetic Resources Institute*, 1997; Galet, 1998). Entretanto, a caracterização baseada na ampelografia apresenta problemas estruturais e metodológicos, tais como:

1. Especialistas em ampelografia constituem um grupo pequeno e cada vez menor de pessoas, e seu conhecimento e experiência são restritos aos genótipos de uma determinada região;
2. A expressão dos caracteres morfológicos é influenciada pelas condições ambientais, história evolutiva e biologia da planta;
3. Plantas juvenis não devem ser analisadas, uma vez que elas não exibem os caracteres morfológicos típicos das plantas adultas;
4. Plantas geneticamente relacionadas apresentam morfologia semelhante, dificultando a sua identificação pela observação visual e, por outro lado, clones intravarietais podem diferir fenotipicamente e apresentarem o mesmo genótipo para muitos caracteres, dificultando a sua identificação.

2.3. Emprego de marcadores moleculares no manejo de germoplasma

A habilidade para identificar a variação genética é indispensável para o manejo eficiente e o uso dos recursos genéticos. Na década de 60, métodos bioquímicos baseados na eletroforese de enzimas demonstraram ser úteis em análises de diversidade genética, uma vez que estas enzimas eram codificadas por diferentes alelos em um (aloenzimas) ou mais locos gênicos (isoenzimas). Contudo, a expressão das enzimas depende do estágio de desenvolvimento da planta ou das condições ambientais. Apenas sistemas enzimáticos que não apresentem variações em diferentes condições podem ser considerados marcadores

isoenzimáticos, o que limita o número de marcadores disponíveis e restringe o grau de polimorfismo e diferenciação obtida pela análise de isoenzimas (Sefc et al., 2001).

As técnicas baseadas no DNA, introduzidas nas últimas duas décadas são capazes de identificar polimorfismos nas seqüências do DNA. As suas principais vantagens são a exclusão das influências ambientais, podendo ser realizadas em qualquer estágio de crescimento, utilizando qualquer parte da planta e a necessidade de pequenas quantidades de material vegetal (Hodgkin et al., 2001; Karp, 2002).

Os métodos moleculares utilizados para detectar variação na seqüência do DNA são baseados no uso de enzimas de restrição que reconhecem e cortam seqüências curtas específicas do DNA, denominados de *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP), na técnica da *Polymerase Chain Reaction* (PCR) que envolve a amplificação de seqüências de DNA utilizando *primers* de oligonucleotídeos curtos e mais recentemente, na detecção de polimorfismo de nucleotídeo único ou SNPs (*single nucleotide polymorphism*), observadas a partir do grande número de variações de ponto encontradas comparando-se seqüências correspondentes do genoma.

RFLP foi utilizado com sucesso por diversos autores para a identificação de cultivares e porta-enxertos de videira (Striem et al., 1990; Bourquin et al., 1991; 1992; 1993; 1995; Thomas et al., 1993; Guerra e Meredith, 1995).

Karp et al. (1997) descreveram os principais métodos baseados em PCR, tais como, *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) (Williams et al., 1990), *Amplified Fragment Length Polymorphisms* (AFLP) (Vos et al., 1995) e *Simple Sequence Repeat* (SSR ou microsatélites).

A detecção do polimorfismo dos marcadores RAPD é revelada pela amplificação de locos cromossômicos usando-se um único *primer* de seqüência arbitrária e curta, compostos por 10 bases com no mínimo 50% de conteúdo GC. Na reação de amplificação, estes *primers* quando submetidos a condições apropriadas de temperatura (37 à 42 °C) hibridizam com seqüências genômicas complementares levando a amplificação da região alvo (Karp et al., 1997; Karp, 2002). Para que ocorra amplificação de um fragmento RAPD, há necessidade que existam no genoma dois sítios complementares ao *primer*, localizados em direções opostas e distantes entre si, no máximo 4.000 pb. Como a seqüência de cada *primer* é determinada de modo aleatório, este pode encontrar várias regiões complementares à sua seqüência e, por isso, revelar vários locos (Karp et al., 1997; Karp, 2002). Cada *primer* arbitrário utilizado dirige a síntese de vários segmentos de DNA simultaneamente em diversos pontos do genoma. A princípio, marcadores RAPD podem ser tratados como alelos mendelianos. O fato de esse marcador ser do tipo dominante faz com

que a análise das relações de parentesco, entre organismos diplóides, não possa ser conduzida a partir do cálculo das frequências alélicas. Os dados de RAPD são de natureza binária (presença ou ausência da banda) e requerem tratamentos estatísticos apropriados, gerando-se matrizes binárias para o cálculo do coeficiente de similaridade. As principais vantagens da técnica RAPD são a sua simplicidade; facilidade de execução; rapidez na obtenção dos dados; possibilidade de mapear todo o genoma sem o conhecimento prévio deste, não exigindo o desenho de *primers* específicos; necessidade de quantidades mínimas de DNA de qualquer organismo de interesse. Suas desvantagens são a baixa reprodutibilidade das informações geradas e o baixo conteúdo de informação por loco. Além disso, a característica dominante deste marcador impede a distinção entre homozigotos e heterozigotos.

Amplified Fragment Length Polymorphism ou AFLP (Vos et al., 1995) é uma técnica para estudar o polimorfismo genético em populações que combina a especificidade, resolução e poder de amostragem da clivagem do DNA com endonucleases de restrição com a velocidade e praticidade de detecção de polimorfismos via PCR. Em comparação com outros marcadores apresenta as vantagens de detectar múltiplos locos por reação. A técnica de AFLP consiste essencialmente de quatro etapas: 1. O DNA genômico total é digerido com duas enzimas de restrição; 2. Adaptadores específicos são ligados aos terminais dos fragmentos genômicos gerados pela clivagem; 3. Uma fração dos fragmentos gerados é amplificada via PCR utilizando *primers* específicos para reconhecer seqüências nos adaptadores; 4. A subpopulação de fragmentos gerados é separada em gel de alta resolução.

Simple Sequence Repeats ou SSR, denominados também de microsatélites, consistem de pequenas seqüências com 1 a 6 nucleotídeos de comprimento, repetidas em *tandem*. Os marcadores SSR caracterizam-se por serem co-dominantes, baseados em PCR, abundantes, aparentemente distribuídos por todo o genoma, multialélicos e dependentes de pequena quantidade de DNA dos indivíduos analisados. O conteúdo genético informativo de um loco SSR é bastante alto, por se tratarem de seqüências de alta taxa evolutiva. O deslizamento da DNA polimerase (*slippage*) durante a replicação do DNA ou o *crossing-over* desigual são considerados como as principais causas da variação no número de repetições nesses locos. O polimorfismo no tamanho dos fragmentos pode ser devido ao número diferente de repetições das seqüências simples, mudança no elemento repetitivo, como também, pode ser causada por substituições, inserções/deleções de uma única base ou de fragmentos longos de DNA nas regiões que flanqueiam os microsatélites. Os polimorfismos caracterizam os diferentes alelos, que podem ser detectados numa eletroforese em gel de poliacrilamida ou agarose especial de alta resolução. A visualização das bandas no gel pode ser feita diretamente com auxílio de brometo de etídeo, nitrato de

prata ou através de autoradiografia ao se utilizar *primers* marcados com radioisótopos ou fluorescência na reação de PCR (Ferreira e Gatapaglia, 1998).

Os marcadores microsatélites apresentam muitas vantagens: são loco específico, altamente polimórficos, herdados em um padrão co-dominante o que permite a identificação de homozigotos e heterozigotos e podem ser representados pelo tamanho dos seus alelos em pares de base, tornando-o um marcador robusto, cujos dados podem ser comparados entre laboratórios e formatados em bases de dados (Sefc et al., 2001; Karp, 2002). Apresentam as seguintes desvantagens: apenas um loco pode ser analisado em cada reação, resultando em uma baixa razão multiplex comparado ao RAPD e AFLP que permitem a identificação simultânea de múltiplos locos. Contudo, esta aparente desvantagem pode ser superada pela utilização de reações multiplex, isto é, amplificação de mais de um *primer* simultaneamente na reação de PCR e sua revelação em um único gel. Entretanto, esta prática pode ser dificultada pela heterogeneidade das condições de PCR, pois os *primers* publicados apresentam temperaturas de anelamento que variam desde 45° até 65°C e pela faixa estreita de tamanho de alelos entre 150 à 250 pares de base. De acordo com Merdinoglu et al. (2005), o emprego de reações multiplex exige a utilização de um conjunto de marcadores cujos alelos apresentem variações em tamanho, bem como, a otimização das condições de PCR. Estes autores otimizaram a utilização de microsatélites por meio do desenvolvimento de 169 novos locos microsatélites, sendo que destes, 125 podem ser combinados em 45 reações multiplex, e de acordo com o tamanho dos alelos, até quatro reações podem ser aplicadas em um mesmo gel.

Outra dificuldade relativa aos microsatélites relaciona-se ao fato de que a sua identificação demanda um elevado custo e tempo, por que envolve muitas etapas para a construção e seleção de bibliotecas genômicas e o desenho e otimização das reações de PCR. Outra estratégia também utilizada é a investigação de seqüências repetitivas de microsatélites em bases de dados publicadas. As bases de dados compiladas de cDNA e *Expressed Sequence Tags* (ESTs), tornaram-se disponíveis para muitas espécies vegetais e permitem a identificação de locos microsatélites em regiões ricas em genes e altamente conservadas, apresentando a vantagem de que os *primers* obtidos para uma espécie, em geral, podem ser utilizados em espécies relacionadas do mesmo gênero ou até mesmo através de vários gêneros de uma mesma família (Sefc et al., 2001). Locos microsatélites derivados de ESTs demonstraram ser mais úteis do que aqueles obtidos a partir de bibliotecas genômicas enriquecidas, em relação a sua utilização através de 25 diferentes espécies da família *Vitaceae* e duas espécies australianas nativas, evidenciando a importância desses marcadores em estudos sobre ecologia e conservação de espécies e gêneros relacionados (Arnold et al., 2002).

A ocorrência de alelos nulos resultado de uma mutação no sítio de anelamento do *primer* pode ser considerada outra dificuldade dos microsátélites. Como consequência não há formação de uma banda e heterozigotos podem ser equivocadamente interpretados como homozigotos.

O sequenciamento do genoma humano chamou a atenção dos pesquisadores para o grande número de variações de ponto encontradas comparando-se seqüências correspondentes do genoma. Dois tipos de substituições mais freqüentes ocorrem no DNA: as que envolvem bases nitrogenadas de mesma característica estrutural, ou seja, entre purinas (A/G ou G/A) e entre pirimidinas (C/T ou T/C) e são denominadas de transições, e àquelas que envolvem a troca de uma purina por uma pirimidina, e vice-versa, e são denominadas de transgressões. Essas mutações pontuais podem ter sua origem em erros de incorporação de bases durante a replicação do DNA, ou serem induzidas pelas condições ambientais. Quando elas ocorrem em células germinativas e são transmitidas às gerações seguintes, fixando-se a uma freqüência alélica mínima de 1% na população, passam a ser denominados de polimorfismo de nucleotídeo único ou SNPs (*single nucleotide polymorphism*) (Caixeta et al., 2006).

Poucas referências são encontradas na literatura sobre a identificação e o emprego de SNPs como marcadores moleculares na videira. Vale a pena destacar os trabalhos de Owens et al. (2003), que estimaram a freqüência de SNPs e haplótipos na espécie *Vitis vinifera* e espécies americanas, encontrando para todos os genótipos um SNP para cada 32,2 pb e 15,4 haplótipos por kb de seqüência de DNA e o de Salmaso et al. (2004), que estudaram nove genótipos, sendo sete cultivares de *Vitis vinifera*, um de *Vitis riparia* e um híbrido complexo, revelando uma média de um SNP para cada 47 pb. *Vitis vinifera* e *Vitis riparia* apresentaram um SNP para cada 77,79 pb. SNPs foram mais freqüentes em regiões codantes (23,1 SNPs por Kb) do que em regiões não codantes (17,6 SNPs por Kb). Foram observados ainda uma média de 6,04 diferentes haplótipos por gene ou 0,7 vezes o número de SNPs identificados por gene. Os valores de PIC (conteúdo de informação polimórfica) dos SNPs nos haplótipos foram em média 0,61, demonstrando que os SNPs são altamente informativos quando usados para monitorar haplótipos intra-genes.

Os inúmeros métodos desenvolvidos nas últimas décadas diferem em relação aos requerimentos técnicos, nível de polimorfismo detectado, reprodutibilidade, custo, possibilidade de automação e organização de bases de dados (Karp et al., 1997; Karp, 2002). Contudo, é difícil se comparar as diferentes técnicas e determinar qual delas é melhor e para que propósito, pois cada método apresenta vantagens e desvantagens (Karp et al., 1997). Segundo Ramanatha Rao e Hodgkin (2002), os métodos utilizados para acessar diversidade genética podem variar no modo como eles analisam as diferenças genéticas, no tipo de dados que são gerados e nos níveis taxonômicos para os quais eles

podem ser apropriadamente aplicados. Diferentes métodos podem gerar diferentes resultados, o que sugere, segundo Hodgkin et al. (2001), que o caráter ou o escopo da variação podem variar de acordo com o tipo de marcador molecular utilizado. Diferenças nas características de diversidade também podem refletir o tamanho do genoma coberto nas espécies por um determinado sistema de marcador e a sua eficiência em amostrar a variação na população (Staub et al., 1997).

Na última década, a disponibilidade de um grande número de marcadores microsatélites para a videira disseminou a sua utilização, sendo atualmente muito utilizados para os mais diferentes objetivos. Thomas et al. (1993) foram os primeiros a investigar o uso de seqüências de DNA repetitivas para a identificação de cultivares, e observaram que estas seqüências eram abundantes no genoma da videira e conservadas entre diferentes espécies de *Vitis* e *Muscadinia* (Thomas e Scott, 1993). Eles demonstraram, através da análise de pedigree, que os alelos de microsatélite eram herdados em um padrão mendeliano e co-dominante, 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 microsatélites obtidos a partir de bibliotecas genômicas enriquecidas (Sefc et al., 2001; Riaz et al., 2007). Recentemente, 118 novos marcadores microsatélites 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 microsatélite de referência para identificação de cultivares foi proposto mediante a utilização de seis locos microsatélite e 13 cultivares de referência. Os resultados estão disponíveis na base de dados <http://www.genres.de/eccdb/vitis/> (This et al., 2004). Este conjunto de seis locos microsatélites: VVMD5, VVMD7 (Bowers et al., 1996); VVMD27 (Bowers et al., 1999); VrZag62, VrZag79 (Sefc, et al., 1999) e VVS2 (Thomas e 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 todos os cultivares conhecidos de videira. As bases de dados publicadas que fornecem informações sobre genotipagem de videira com marcadores microsatélites são: 'Grape Microsatellite Collection (GMC)' (<http://relay.ismaa.it:12164/genetica/gmc.html>), 'Greek Vitis Database' (<http://www.biology.uch.gr/gvd/>) e 'Swiss Vitis Microsatellite database' (SVMD) (<http://hydra.unine.ch/svmd/>).

Os marcadores microsatélites têm demonstrado ser uma técnica valiosa para o manejo racional de coleções e bancos de germoplasma, permitindo a identificação de sinonímias e homonímias, *fingerprinting*, caracterização molecular de genótipos, análises de

distâncias e similaridades genéticas, como demonstram os resultados obtidos em diferentes países como Espanha (Sanchez-Escribano et al., 1999; Ibáñez et al., 2003; Nunez et al., 2004; Martin et al., 2006; Yuste et al., 2006; Fernández-González et al., 2007); Portugal (Lopes et al., 1999; Lopes et al., 2006; Almadanim et al., 2007); Itália (Grando et al., 1998; Constatini et al., 2005); Áustria (Sefc et al., 1998); Irã (Fatahi et al., 2003); Índia (Upadhyay et al., 2007); Estados Unidos (Lamboy e Alpha, 1998; Dangl et al., 2001); Peru e Argentina (Martínez et al., 2006); Chile (Narváez et al., 2001). Resultados semelhantes também têm sido obtidos pela utilização de marcadores RAPD na Itália (Fanizza et al., 2000); Índia (Tamhankar et al., 2001); Hungria (Kocsis et al., 2005); Grécia (Stavarakakis et al., 1997; Stavarakakis e Biniari, 1998); China (Luo e He, 2001) e por AFLP na Itália (Fanizza et al., 2003a; 2003b), e Argentina (Martínez et al., 2003).

Marcadores microsatélites também tem sido utilizados para a diferenciação de clones intravarietais, embora, em geral, um maior número de primers microsatélites sejam necessários ou a sua associação com outros marcadores. AFLP é especialmente utilizado para este objetivo. Silvestroni et al. (1997), utilizando seis locos microsatélites, identificaram dois genótipos entre os clones da cv. Fontana, constituindo duas cultivares distintas e demonstrando sua possível origem policlonal. Riaz et al. (2002), analisaram 22 clones de 'Pinot Noir' e 25 clones de 'Chardonnay' com 100 marcadores microsatélites, encontrando polimorfismos para uma ou ambas as cultivares em 17 locos, o que permitiu a identificação de 12 clones de 'Pinot Noir' e 6 clones de 'Chardonnay'. Muitos genótipos variantes expressaram três alelos, revelando a presença de quimeras, uma vez que o terceiro alelo foi observado apenas no DNA obtido do tecido de folhas, mas não de raízes ou de ramos, confirmando que o meristema apical da videira é composto por duas camadas de tecido funcionais (Riaz et al., 2002). A presença de quimeras em clones de 'Pinot' também foi demonstrada por Hocquigny et al. (2004) utilizando 49 marcadores microsatélites, os quais justificaram a presença de três alelos pelo acúmulo de mutações e rearranjos celulares que permitem a coexistência de duas camadas de células geneticamente distintas nas folhas. Vignani et al. (2002) utilizaram marcadores AFLP e microsatélites para estudar a variabilidade intra-varietal em acessos da cv. Sangiovese, o que permitiu a diferenciação de três clones desta cultivar. Com este mesmo objetivo, Cabezas et al. (2003), utilizaram duas combinações de *primers* AFLP e 21 *primers* microsatélites e concluíram que os tipos morfológicos da cv. Garnacha, ou seja, 'Garnacha Tinta', 'Garnacha cinza', 'Garnacha branca' e 'Garnacha Peluda', correspondem ao mesmo genótipo e representam variações somaclonais, enquanto os acessos de 'Garnacha Tintureira' representam três genótipos distintos aparentados entre si. Kozjac et al. (2003) analisaram 55 acessos de uma seleção clonal da cv. Refosk na Eslovênia, com seis locos microsatélite e observaram que 53 acessos revelaram padrões alélicos idênticos, demonstrando tratar-se do mesmo genótipo, enquanto dois corresponderam a diferentes cultivares. A análise de 89 locos microsatélite

em 9 clones da cv. Tannat permitiram Techera et al. (2004) concluir que esta cultivar é geneticamente homogênea, pois apenas um locus separou os clones em dois grupos, e os resultados moleculares estiveram correlacionados com as análises de compostos aromáticos entre as plantas de um mesmo clone.

De acordo com Cervera et al. (1998), a técnica de AFLP é especialmente apropriada para diferenciação de clones, pois é possível se obter até mais de 50 locos polimórficos por reação (elevada razão multiplex), o que lhes permitiu a distinção de cultivares e de clones em 67 acessos da região de Rioja-Espanha, utilizando apenas duas combinações de *primers*. AFLP também foi utilizado para caracterizar uma coleção de 35 cultivares de uvas de mesa na Espanha e permitiu a diferenciação de dois clones da cv. Napoleão, originários de duas seleções clonais (Cervera et al., 2000). Scott et al. (2000) identificaram um mutante somático precoce da cv. Flame seedless pela utilização de 64 combinações de *primers* AFLP, onde apenas uma combinação diferenciou o mutante precoce de sua linha parental, sugerindo estes autores a utilização destes *primers* para identificação comercial e proteção do novo clone.

A maioria dos cultivares de videira existentes atualmente é muito antigo e foram originados por diferentes processos, tais como diferenciação de videiras silvestres, cruzamentos espontâneos entre videiras silvestres e cultivares ou cruzamentos entre cultivares. Cultivares antigos envolvidos nos cruzamentos naturais não podem ser identificados, uma vez que já não existem na natureza, mas muitos cultivares parentais ainda são cultivados ou estão preservados em coleções de germoplasma. Utilizando métodos moleculares, estes cultivares parentais e sua descendência podem ser reconhecidos, possibilitando o estudo de sua origem geográfica e história evolutiva.

Um dos primeiros exemplos de reconstrução de *pedigree* utilizando marcadores microsatélites foi a surpreendente descoberta de que 'Cabernet Sauvignon' descende de 'Cabernet Franc' e 'Sauvignon Blanc' (Bowers e Meredith, 1997). De acordo com Sefc et al. (1998), 'Sylvaner' é descendente de cruzamento entre 'Traminer' e 'Österreichisch Weiß', uma vez que o cultivo deste último esteve restrito ao leste da Áustria, isto indica a origem geográfica de 'Sylvaner' nesta região. Importantes cultivares francesas como 'Chardonnay', 'Gamay' e outros 14 cultivares são progênie do cruzamento entre 'Pinot' X 'Gouais Blanc' (Bowers et al., 1999b). Meredith et al., (1999), concluíram que o cultivar Durif descende do cruzamento entre 'Peloursin' X 'Syrah'. Em um estudo sobre cultivares portuguesas de videira utilizando doze marcadores microsatélites, Magalhães et al. (2003) observaram que 'Cruzado Rabo de Ovelha' e 'Castelo Branco' são o mesmo 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 Rouge' e 'Mayolet' sendo um dos possíveis pais

de 'Goram' e 'Cornalin d'Aoste' (Vouillamoz et al., 2003). Os cultivares argentinos 'Moscatel Amarillo', 'Torrantes Sanjuanino', 'Torrantes Riojano' e 'Torrantes Mendocino' foram analisados com 20 locos microsatélites, o que permitiu a conclusão de que os três primeiros 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 microsatélites nucleares e cinco microsatélites de cloroplasto permitiram identificar o cultivar Muscat de Hamburgo descendente de 'Moscatel de Alexandria' e 'Schiava Grossa'. Os autores mencionaram ainda que microsatélites 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.

A estrutura genética e diferenciação entre cultivares procedentes de sete diferentes regiões de cultivo na Europa, Grécia, Croácia, Norte da Itália, Áustria e Alemanha, França, Espanha e Portugal foram analisadas por meio de nove locos microsatélites, observando-se uma elevada variabilidade genética entre os conjuntos gênicos de todas as regiões, mesmo para regiões adjacentes como Espanha e Portugal, sugerindo a possibilidade de se acessar a população de origem de cultivares de *background* genético desconhecido a partir das informações de seu genótipo (Sefc et al., 2000).

Labra et al. (2003) utilizaram marcadores AFLP e microsatélites para acessar a origem do cultivar italiano Marzemino e outros relacionados e sua relação genética com o cv. grego Vertzami. Os autores observaram correlação entre a origem dos nomes dos cultivares e a sua história e excluíram a hipótese de uma origem direta dos acessos de 'Marzemino' a partir de 'Vertzami', embora o elevado grau de similaridade genética evidencie que um antigo cultivar italiano tenha sido o ancestral comum destes cultivares.

A herança materna do genoma do cloroplasto típico das plantas angiospermas tornam estes locos microsatélites (cpSSR) especialmente úteis em estudos de origem, evolução e relações de parentesco. A estrutura genética de seis populações da Itália e cinco da Espanha de *V. vinifera* ssp. *silvestris* foram investigadas utilizando microsatélites nuclear e de cloroplasto. O pequeno número de haplótipos associado à elevada distância genética e baixo fluxo gênico entre as populações nativas da Espanha demonstraram que estas foram submetidas a forte erosão genética, não sendo recomendável a sua conservação *in situ*, alguns indivíduos representativos destas populações deveriam ser preservados *ex situ*. Por outro lado, a diversidade genética da videira encontra-se preservada em pequenas áreas no Sul da Itália, onde as populações estão conectadas por alto grau de fluxo gênico, preservando a sua riqueza e prevenindo a deriva genética, estas áreas podem ser

consideradas como refúgio de videiras silvestres e apropriadas para a conservação *in situ* (Grassi et al., 2003). Os autores ainda observaram que o fluxo gênico é elevado quando comparado ao baixo fluxo de sementes, possivelmente pela sua baixa germinação e sobrevivência em habitats naturais, recomendando que a germinação de sementes e sobrevivência de plântulas jovens deve ser considerada prioridade nos programas de conservação *in situ* da videira.

Utilizando oito locos microsatélites, Aradhya et al. (2003) agruparam 222 acessos de *V. vinifera* L. e 22 acessos silvestres (*V. vinifera* ssp. *sylvestris*) em 16 grupos dentro de três grupos de acordo com a clássica origem eco-geográfica dos acessos, ou seja, *occidentalis*, *pontica* e *orientalis*, observando ainda uma considerável diferenciação entre uvas de mesa e de vinho e que os tipos moscatéis também se mostraram distintos dentro das uvas de vinho.

A origem e relações genéticas existentes entre cultivares representativos de quatro regiões geográficas do Oriente Médio e Europa Ocidental foram analisadas por Imazio et al. (2006), por meio de oito marcadores cpSSR. A distribuição e diversidade dos haplótipos permitiram concluir que 90% dos acessos procedentes da Europa Ocidental compartilham o mesmo haplótipo e apresentam diversidade elevada, sugerindo a ocorrência de trocas varietais e propagação da videira ao longo de sua domesticação e cultivo nessa região. Por outro lado, os acessos da região do Cáucaso e Oriente Médio compartilham apenas 50% dos haplótipos e apresenta menor diversidade, evidenciando uma origem comum, o que pode sugerir ainda que o Cáucaso e Oriente Médio não seja o único centro de origem de todos os cultivares existentes na Europa Ocidental.

Vouillamouz et al. (2006), também realizaram um estudo com objetivos semelhantes em 116 acessos de 98 cultivares procedentes da região do Cáucaso e Anatólia (Geórgia, Armênia e Turquia) utilizando 12 marcadores microsatélites, e identificaram 17 casos de sinonímias e seis casos de homonímias. A similaridade genética entre cultivares procedentes de diferentes países demonstra a existência de possíveis ancestrais comuns.

A aplicação das informações obtidas com marcadores moleculares em recursos genéticos pode ser assim resumida (Westman e Kresovich, 1997; Karp, 2002):

1. Quantidade da diversidade: quantificação da diversidade presente ao nível intra e interespecífico;
2. Estrutura da diversidade: como a diversidade está distribuída entre e dentro de populações no espaço e no tempo;
3. História evolucionária: história da população, linhagens genéticas, genealogias de genes e distinção entre diferenciação e divergência, isto é, entre eventos atuais e passados;

4. Distância genética: medida do grau de diferença existente entre genes, seqüências, populações e espécies;
5. Relações genéticas: grau de relacionamento entre parentes;
6. Identidade: se indivíduos são geneticamente idênticos ou distintos;
7. Fluxo gênico: extensão na qual genes foram intercambiados;
8. Desequilíbrio de ligação e correlação inter-loco da variação alélica.

2.4. Estimação da Diversidade Genética

A diversidade genética pode ser quantificada pela distância genética entre populações, indivíduos, ou organismos com base em características morfo-agronômicas, fisiológicas, bioquímicas ou de polimorfismos de DNA.

A avaliação da diversidade genética pode ser de natureza quantitativa ou preditiva. Entre os métodos de natureza quantitativa, citam-se os de análises dialélicas, onde são avaliados tanto a capacidade geral e específica de combinação, como também, a heterose manifestada nos híbridos. Nestes métodos, é necessária a avaliação de p progenitores e de todas as suas combinações híbridas $[p(p - 1)/2]$.

Por sua vez, os métodos preditivos envolvem análises multivariadas. Técnicas analíticas multivariadas são amplamente utilizadas em estudos de diversidade genética, independente do tipo de dados analisados, sejam eles morfo-agronômicos, bioquímicos ou moleculares (Mohammad e Prasanna, 2003). Entre as técnicas multivariadas utilizadas destacam-se os métodos aglomerativos e as análises de dispersão gráfica por meio de componentes principais, variáveis canônicas ou projeção de distâncias.

A análise de Componentes Principais baseia-se na transformação de um conjunto de variáveis quantitativas originais em outro conjunto de variáveis interdependentes não correlacionadas, chamadas componentes principais. Assim, cada componente principal é uma combinação linear das variáveis originais, de modo que o 1º componente principal tem a maior variância, o 2º tem a segunda maior variância e assim sucessivamente. Utilizam-se os dois primeiros componentes principais para a análise da dispersão gráfica dos genótipos em estudo quando estes correspondem a 80% da variação total. Quando este limite não é atingido com os dois primeiros componentes, complementa-se a análise incluindo-se o terceiro componente principal e assim sucessivamente, até aquele limite ser atingido. Os objetivos dessa análise são: a) reduzir a dimensão original dos dados e b) facilitar a

interpretação das análises realizadas. Para reduzir o número de variáveis a serem manipuladas, descartam-se as combinações lineares que apresentem baixa variância, mantendo aquelas que apresentam variância elevada. Segundo Cruz et al. (2004), uma vantagem da técnica de componentes principais é a possibilidade de se avaliar a importância de cada caráter estudado sobre a variação total disponível, permitindo, portanto, o descarte daqueles caracteres que contribuem pouco para a discriminação do material avaliado.

A análise de variáveis canônicas, de modo semelhante aos componentes principais, tem como objetivo, a redução das variáveis quantitativas originais de um espaço n -dimensional para um espaço bi ou tri-dimensional, permitindo a identificação dos indivíduos similares em gráficos de dispersão. Entretanto, este método alternativo leva em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica entre os caracteres avaliados e apresenta ainda a vantagem de manter o princípio do processo de agrupamento, com base na distância D^2 de Mahalanobis (Cruz et al., 2004). De acordo com Cruz et al. (2004), para a estimação das variáveis canônicas, as variáveis originais são transformadas em variáveis padronizadas e não correlacionadas, igualando-se a matriz de dispersão à identidade e após esta transformação das variáveis, o processo de estimação é semelhante ao de componentes principais. Por outro lado, ao contrário dos componentes principais, as variáveis canônicas utilizam a matriz residual, cuja obtenção necessita utilizar os dados com repetições, o que em geral não é possível na avaliação de bancos de germoplasma e coleta de dados de populações naturais.

A análise de agrupamento é um método analítico que pode ser aplicado para classificar os acessos de um germoplasma (ou qualquer outra unidade amostral) em grupos, de forma que exista homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos (Cruz et al., 2004).

Duas etapas estão envolvidas: a escolha de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) e a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos.

Quando os dados analisados são variáveis contínuas, por exemplo, na identificação de genitores para hibridação, as medidas de dissimilaridade mais comumente empregadas são as Distâncias Euclidianas Média e a generalizada de Mahalanobis (D^2). Esta última apresenta a vantagem de levar em consideração a correlação entre os caracteres avaliados. O valor de D^2 pode ser estimado a partir das médias dos dados originais e da matriz de covariâncias residuais (matriz de dispersão), ou a partir dos dados transformados (Cruz et al., 2004). Por sua vez, esta matriz de dispersão é estimada a partir de ensaios com repetições, o que limita muito a utilização da Distância generalizada de Mahalanobis.

Em se tratando de dados moleculares, a escolha correta do coeficiente de similaridade ou dissimilaridade, segundo Reif et al. (2005), depende de diversos fatores, tais como: a) as propriedades dos marcadores; b) a unidade taxonômica operacional (linhas, populações, etc.); c) os objetivos do estudo; e d) as condições necessárias para as análises multivariadas seguintes. Quando os marcadores moleculares são co-dominantes (SSRs), a medida de dissimilaridade é calculada pela diferença entre as frequências alélicas. Para marcadores dominantes (AFLP e RAPD), os coeficientes baseiam-se na presença e ausência das bandas. Dangl et al. (2001) mencionam que ao utilizar marcadores microsátélites, o método de proporção de alelos comuns (Bowcock et al., 1994) é o mais adequado para o cálculo das distâncias genéticas, uma vez que não considera a natureza da população, o que é válido para espécies propagadas vegetativamente e submetidas à intensa seleção, como é o caso da videira.

Considerando-se os marcadores moleculares RAPD e AFLP, três coeficientes muito usados são o coeficiente de correspondência simples, coeficiente de Jaccard (1908) e coeficiente de Dice (1945). Se a probabilidade de não amplificação dos fragmentos é alta, os coeficientes que excluem as concordâncias negativas (0,0), como os de Jaccard e Dice são os mais adequados (Reif et al., 2005).

Os métodos de agrupamento mais usados podem ser classificados em hierárquicos e de otimização. Os métodos hierárquicos caracterizam-se pelo agrupamento dos acessos através de uma série de 'fusões' ou 'divisões' de um grupo de indivíduos. O primeiro caso é conhecido como método hierárquico aglomerativo, iniciando com um único indivíduo, até que seja estabelecido um dendrograma ou diagrama de árvore. Não há interesse na obtenção de um número ótimo de grupos, mas sim da 'árvore' e ramificações (Cruz et al., 2004). Entre os métodos aglomerativos, Cruz et al. (2004) mencionam o do vizinho mais próximo (*single linkage method*), vizinho mais distante (*complete linkage method*), ligação média entre grupos ou UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*), ligação média ponderada entre grupos ou WPGMA (*Weighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*), centróide ou UPGMC (*Unweighted Pair-Group Centroid Method*), mediana ou WPGMC (*Weighted Pair-Group Centroid Method*), e da variância mínima proposto por Ward (1963). Com relação aos métodos divisivos, o mais conhecido é o de Edwards e Cavalli-Sforza (1967).

Nos métodos de otimização, realiza-se a partição do conjunto de acessos ou amostras em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos, por meio da maximização ou minimização de alguma medida pré-estabelecida. Assim, as diferenças entre as técnicas de otimização são em função dos métodos usados para uma partição inicial e do critério de agrupamento utilizado para otimização. O método de otimização de Tocher é um dos mais

empregados no melhoramento vegetal. Inicialmente, esse método identifica o par de indivíduos mais similares e forma o grupo inicial. A possibilidade de inclusão de novos indivíduos no grupo respeita um limite de distância média intragrupo menor que a distância média intergrupo.

CAPITULO 1

ANÁLISE DE DIVERSIDADE ENTRE ACESSOS DE UMA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE VIDEIRA (*Vitis* spp.) BASEADA EM CARACTERES MORFO-AGRONÔMICOS

1. INTRODUÇÃO

Em um programa de melhoramento genético envolvendo hibridação, uma das etapas fundamentais é a eleição dos genótipos parentais com bom desempenho e ampla base genética. Uma alternativa para a escolha dos genótipos parentais é a análise do seu comportamento isolado e do resultado dos cruzamentos dialélicos. Os métodos preditivos, baseados nas características morfológicas, agronômicas, fisiológicas ou genéticas dos genitores (Cruz et al., 2004), determinadas antes que qualquer cruzamento seja realizado, podem auxiliar os melhoristas a concentrar seus esforços nas combinações mais promissoras. A heterose, manifestada nos híbridos, está diretamente relacionada à divergência genética entre seus genitores (Falconer, 1989).

A utilização de técnicas multivariadas para estimar a divergência genética tem-se tornado comum entre os melhoristas de plantas. Entre essas técnicas, as mais empregadas são: a análise por componentes principais, quando os dados são obtidos de experimentos sem repetições; a análise por variáveis canônicas, quando os dados são obtidos de experimentos com repetições; e os métodos de agrupamento, cuja aplicação depende da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada. Na quantificação da divergência genética entre os parentais têm sido utilizadas as técnicas de aglomeração baseadas na distância euclidiana e na distância generalizada de Mahalanobis (D^2) (Cruz et al., 2004).

A análise de agrupamento por UPGMA de um conjunto de componentes epidemiológicos do cancro bacteriano (*Xanthomonas campestris* pv. *viticola*) na videira, permitiu a formação de três grupos com os seguintes cultivares copa: 'Brasil' no grupo 1 apresentou-se como o cultivar mais suscetível, 'Isabel' no grupo 2 foi o cultivar mais resistente e no grupo 3 estão os demais cultivares. Em relação aos porta-enxertos, o grupo 1 foi composto por 'Paulsen 1103' que destacou-se como o mais resistente, o grupo 2 foi formado pelo cultivar 'SO4' e os demais foram incluídos no grupo 3 (Nascimento et al., 2006).

Onze cultivares de videira da região da Campanha na Itália, foram avaliados em relação a 29 descritores foliares por meio de componentes principais e agrupamento, observando-se divergência entre os cultivares denominados 'Falanghinas', enquanto 'Greco de Tufo' foi similar a 'Asprinio' (Boselli et al., 2000).

Matheou et al. (1995a, 1995b) avaliaram 41 cultivares de uvas de mesa em uma coleção de germoplasma na Grécia, utilizando a técnica multivariada de componentes principais e agrupamento e observaram a correlação entre características, tais como,

apirenia foi associada com a baixa aderência da baga ao pedicelo, maturação tardia com altos teores de acidez e baixos teores de açúcares nas bagas e grande número de sementes por baga com baixos teores de açúcares, os cultivares também foram separados de acordo com a sua fenologia em precoces e tardios.

Segundo Cravero et al. (1994), a análise multivariada de componentes principais e agrupamento de caracteres morfológicos e bioquímicos permitiram separar 22 cultivares de videira de acordo com a cor da baga, bem como relacionar os teores de terpenos do mosto e de polifenóis das bagas.

Coelho et al. (2004) utilizaram medições lineares das folhas e técnicas multivariadas para distinguir castas cultivadas e selvagens de *Vitis vinifera* em Portugal.

Micheli et al. (1993) observaram divergência intravarietal em 'Pinot Noir' e 'Sauvignon Blanc' e maior similaridade entre os clones da cv. Chardonnay com base nos resultados de análises multivariadas de descritores foliares.

Este trabalho teve como objetivos principais:

- a) Caracterizar e quantificar a variabilidade genética existente entre os acessos de uma coleção de germoplasma de videira com base em variáveis morfo-agronômicas quantitativas e discretas;
- b) Estimar as distâncias genéticas entre os acessos e predizer os cruzamentos com maior potencial heterótico que poderão ser utilizados em programas de melhoramento;
- c) Comparar diferentes estratégias de análises baseadas em técnicas multivariadas aplicadas a caracteres de variação contínua e discreta.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material Vegetal

Foram avaliados 202 acessos de videira (*Vitis* spp.) procedentes da coleção de germoplasma da Embrapa Semi-Árido (Figura 1), cujas origens geográficas, espécie, utilização e genealogias podem ser observadas na Tabela 1. Cada acesso é composto por quatro plantas que estão conduzidas em cordão bilateral, realizando-se duas podas anuais alternadas em podas curtas que consiste em esporões com duas gemas e podas longas onde são mantidas varas com 6 à 8 gemas. Foram realizados desbrotas, despontes, amarrão de ramos, raleio de bagas e tratamentos fitossanitários de acordo com a necessidade e as recomendações para a cultura da videira na região. A aplicação dos nutrientes foi realizada por meio de fertirrigações e estão baseadas nas necessidades determinadas pelas análises de solo e foliar.

2.2. Caracteres fenotípicos avaliados

Foram obtidos dados médios de quatro plantas durante quatro ciclos de produção em relação a doze características morfo-agronômicas de variação contínua na avaliação dos acessos de uvas de mesa e nove nos acessos de uvas de vinho. As características, descritas abaixo, foram escolhidas na lista de descritores do *International Plant Genetic Resources Institute* (1997), pela sua importância na produção e qualidade dos frutos:

- 1) Duração do ciclo fenológico, medido a partir da data da poda até a colheita, em dias;
- 2) Produção de cachos por planta, baseado no peso de todos os cachos de cada planta, em quilos;
- 3) Número de cachos por planta (NC), baseado na contagem de todos os cachos de cada planta;
- 4) Peso de cachos (PC), baseado no peso total de todos os cachos dividido pelo número total de cachos por planta, em gramas;
- 5) Comprimento do cacho (CC), medido entre as extremidades superior e inferior do engaço principal, em centímetros;
- 6) Largura do cacho (LC), medido entre as extreminades dos engaços laterais ('ombros'), em centímetros;
- 7) Peso de bagas (PB), baseado no peso médio de dez bagas por cacho, em gramas;

- 8) Comprimento de bagas (CB), baseado no comprimento médio de dez bagas por cacho, em milímetros;
- 9) Diâmetro de bagas (DB), baseado no diâmetro médio de dez bagas por cacho, em milímetros;
- 10) Teor de sólidos solúveis totais (SST), determinado a partir de uma amostra de dez bagas por cacho, em °Brix;
- 11) Acidez total titulável (ATT), determinada a partir de uma amostra de dez bagas por cacho, em % ácido tartárico/100 ml de suco;
- 12) Relação sólidos solúveis totais (SST)/acidez total titulável (ATT).

Foram avaliadas ainda seis características discretas, codificadas, conforme descrito a seguir:

- 1) Consistência da polpa: crocante (1), carnosa (2), mucilaginosa (3), ou fundente (4);
- 2) Presença de sementes: presente (1) ou ausente (2);
- 3) Sabor: neutro (1), especial (2), moscatel (3) ou foxado (4);
- 4) Formato de cachos: cilíndrico (1), cilíndrico alado (2) ou cônico (3);
- 5) Formato de bagas: ovóide (1), globosa (2) ou elíptica (3);
- 13) 6) Cor: preta (1), vermelha (2), verde (3) ou verde-amarelada (4).



Figura 1 – Coleção de Germoplasma de Videira da Embrapa Semi-Árido, em Juazeiro, BA.

Tabela 1 – Acessos de videira, classificação quanto ao uso, origem, espécie e *pedigree*, avaliados neste trabalho.

Acessos	Número	Origem	Espécie	Pedigree
Acessos de uvas de mesa e/ou passa				
A 1105	1	USA	?	
A 1118	2	USA	?	
A1581	3	USA	?	
A Dona	4	Brasil	Híbrido	Soraya X IAC 544-14
Ângelo Pirovano	5	Itália	<i>V. vinifera</i>	Chasselas Rose X Muscat Hamburgo
Aurora	6	Brasil	Híbrido	IAC 394-16 X Maria
Baresana	7	Itália	<i>V. vinifera</i>	
Beauty Seedless	8	USA	<i>V. vinifera</i>	Reine des Vignes X Black Kishmish
Beni Fugi	9	Japão	Híbrido	Golden Muscat X Kuroshio
Benitaka	10	Brasil	<i>V. vinifera</i>	Mutação de Itália
Blue Lake	11	USA	Híbrido	<i>V. smalliana</i> O.P. X Caco
Blush Seedless	12	USA	<i>V. vinifera</i>	Emperor X (Alphonsee Lavallee X Italia) X Koen D. Wein
Branca Salitre	13	?	?	
Brasil	14	Brasil	<i>V. vinifera</i>	Mutação de Benitaka
Bronx Seedless	15	USA	Híbrido	(Goff X Iona) X Sultanina
BRS Clara	16	Brasil	<i>V. vinifera</i>	CG87746 X Centennial Seedless
BRS Linda	17	Brasil	<i>V. vinifera</i>	CG 87746 X Saturn
BRS Morena	18	Brasil	<i>V. vinifera</i>	Marroo Seedless X Centennial Seedless
Califórnia	19	USA	<i>V. vinifera</i>	
Canner	20	USA	<i>V. vinifera</i>	Hunisa X Sultanina
Cardinal	21	USA	<i>V. vinifera</i>	Flame Tokay X Ribier
Catalunha	22	Brasil	<i>V. vinifera</i>	
Ceílad	23	?	?	
Centennial Seedless	24	USA	<i>V. vinifera</i>	Gold X Q25-6 (F ₂ de Emperor X Italia)
CG 28467 (Emperatriz)	25	Argentina	<i>V. vinifera</i>	Emperor X Sultanina
CG 351 (Arizul)	26	Argentina	<i>V. vinifera</i>	Gibi X Sultanina
CG 38049	27	Argentina	<i>V. vinifera</i>	Riesling X (Gibi X Sultanina)
CG 39915	28	Argentina	<i>V. vinifera</i>	Saint Jeannet X Sultanina
CG 102024 (Dacari)	29	Argentina	<i>V. vinifera</i>	
CG 102295 (Moscatuel)	30	Argentina	<i>V. vinifera</i>	Moscatel Rosada n°2 X (Cardinal X Sultanina)
CG 26858 (Pasiga)	31	Argentina	<i>V. vinifera</i>	Alphonsee Lavallee X Sultanina
CG 40016 (Damarim)	32	Argentina	<i>V. vinifera</i>	Moscatel Rosado X Sultanina
CG 90450	33	Argentina	<i>V. vinifera</i>	
CG 4113	34	Argentina	<i>V. vinifera</i>	Lambrusco X Carignane
CG 33716	35	Argentina	<i>V. vinifera</i>	Dattier de Beiroth X Thompson Seedless
CG 87746	36	Argentina	<i>V. vinifera</i>	Moscato Rosa X Beauty Seedless
CG 87908	37	Argentina	<i>V. vinifera</i>	
CG 26916 (Baviera)	38	Argentina	<i>V. vinifera</i>	
Crimson Seedless	39	USA	<i>V. vinifera</i>	Emperor X C33-199
Christmas Rose	40	USA	<i>V. vinifera</i>	(Hunisa X Emperor X Nocera) X (Hunisa X Emperor X Italia)
Dattier de Beiroth	41	Líbano	<i>V. vinifera</i>	

Tabela 1 – Continuação

Acessos	Número	Origem	Espécie	Pedigree
Acessos de uvas de mesa e/ou passa				
Dattier de Saint Vallier	42	França	Híbrido	Panse de Provence X Seyve Villard 12375
Dawn Seedless	43	USA	<i>V. vinifera</i>	Gold X Perlette
Delight	44	USA	<i>V. vinifera</i>	Reine des Vignes X Sultanina Branca
Dona Maria	45	Portugal	<i>V. vinifera</i>	Moscatel de Setubal X Rosaki
Dom Mariano	46	?	?	
Dominga	47	Espanha	<i>V. vinifera</i>	
Dona Zilá	48	Brasil	Híbrido	Niagara Branca X Catawba Rosa
Early Muscat	49	USA	<i>V. vinifera</i>	Muscat de Hamburgo X Reine des Vignes
Estevão Marinho	50	França	<i>V. vinifera</i>	
Emerald Seedless	51	USA	<i>V. vinifera</i>	Emperor X Sultana Moscata
Emperatriz (CG 28467)	52	Argentina	<i>V. vinifera</i>	Emperor X Sultanina
Emperor	53	USA	<i>V. vinifera</i>	
Fantasy Seedless	54	USA	<i>V. vinifera</i>	(Blackrose X Fresno 43-13N) X (Blackrose X Fresno 43-13N)
Feal	55	Portugal	<i>V. vinifera</i>	Itália X Fernão Pires
Ferlongo	56	Portugal	<i>V. vinifera</i>	Ferral X Alphonse Lavallee
Ferral	57	Portugal	<i>V. vinifera</i>	
Fiesta	58	USA	<i>V. vinifera</i>	(Calmeria X (R. Mal. X Tif. Ahmer) X (Muscat de Alexandria X Sultanina)) X ((Cardinal X Sultanina) X (R. Mal. X Tif. Ahmer))
Flame Seedless	59	USA	<i>V. vinifera</i>	X (Muscat de Alexandria X Sultanina)) X (Cardinal X Thompson) X (Red Malaga X Tefafini Ahmer) X (Muscat de Alexandria X Thompson)
Frakenthal	60	Alemanha	<i>V. vinifera</i>	
Gros Colman	61	Geórgia	<i>V. vinifera</i>	
H 449100	62	?	?	
H 44969	63	?	?	
Himoront	64	?	?	
Himrod Seedless	65	USA	Híbrido	Sultanina X Ontario
IAC 775-26	66	Brasil	Híbrido	IAC 394-16 X Maria
Império	67	Itália	<i>V. vinifera</i>	Muscat de Hamburgo X Ciclopia
Isabel	68	USA	<i>V. labrusca</i>	
Isabel Precoce	69	Brasil	<i>V. labrusca</i>	Mutação de Isabel
Isaura	70	Brasil	Híbrido	
Itália	71	Italia	<i>V. vinifera</i>	Bicane X Muscat de Hamburgo
Itália Muscat	72	Itália	<i>V. vinifera</i>	Bicane X Muscat de Hamburg
Itália Clone 1	73	Brasil	<i>V. vinifera</i>	Mutação de Itália
Itália melhorada (Clone 2)	74	Brasil	<i>V. vinifera</i>	Mutação de Itália
Juliana	75	Brasil	Híbrido	Itália X Madalena (IAC 21-14)
July Muscat	76	USA	<i>V. vinifera</i>	(Muscat de Alexandria X Flame Tokay) X (Muscat de Hamburgo X Reine des Vignes)
Júpiter	77	USA	Híbrido	A 1258 X A 1672
Kagina	78	?	?	
Lake Emerald	79	USA	Híbrido	Pixiola X Golden Muscat
Lakemont Seedless	80	USA	Híbrido	Ontario X Thompson
Liberty	81	USA	Híbrido	(43-47 X Golden Muscat) X Buffalo
Loose Perlette	82	USA	<i>V. vinifera</i>	
Madeleine Royale	83	França	<i>V. vinifera</i>	

Tabela 1 - Continuação

Acessos	Número	Origem	Espécie	Pedigree
Acessos de uvas de mesa e/ou passa				
Marengo (Pirovano 65)	84	Itália	<i>V. vinifera</i>	Pirovano 50 X Delizia de Vaprio
Maria	85	Brasil	Híbrido	(Highland X Golden Queen) X Jumbo
Maroo Seedless	86	Austrália	Híbrido	Carolina Blackrose X Ruby Sds
Mont Serrat	87	?	?	
Moscato de Alexandria	88	Egito	<i>V. vinifera</i>	
Moscatel Branca	89	Itália- Portugal	<i>V. vinifera</i>	
Muscat de Hamburgo	90	Alemanha	<i>V. vinifera</i>	Schiava Grossa X Muscat de Alexandria
Moscato Grego	91	França	<i>V. vinifera</i>	
Moscatel Nazareno	92	Portugal	<i>V. vinifera</i>	Muscat de Hamburgo X Joao Santarém
Moscatel Rosada	93	Portugal	<i>V. vinifera</i>	Diagalves X Moscatel de Málaga
Muscat Caillaba	94	França	<i>V. vinifera</i>	
Muscat Noir	95	França	<i>V. vinifera</i>	
Muscat de Saint Vallier	96	França	Híbrido	Seyve Villard 12-129 X Panse
Neo Muscat	97	Japão	<i>V. vinifera</i>	Muscat de Alexandria X Koshu Sanjaku
Neptune	98	USA	Híbrido	
Niagara Rosada	99	Brasil	<i>V. labrusca</i>	Mutação de Niágara
Orange Muscat	100	França	<i>V. vinifera</i>	
Panse Precoce	101	Itália	<i>V. vinifera</i>	
Patrícia	102	Brasil	Híbrido	Soraya X ((Muscat Hamburgo X <i>V. cinérea</i>) X (Red Niagara X Jumbo))
Paulistinha	103	Brasil	Híbrido	Niagara Branca X Sultanina
Perla de Gralia	104	?	?	
Perlette	105	USA	<i>V. vinifera</i>	Regina del Vigneti X Sultanina
Perlona	106	Itália	<i>V. vinifera</i>	Bicane X Muscat Madresfield Mutação de Eugênio ((Seibel 7053 x Muscat Hamburgo) x Soraya)
Piratiniga	107	Brasil	Híbrido	
Seleção 01	108	?	?	
Seleção 02	109	?	?	
Seleção 04	110	?	?	
Portuguesa Blanes	111	?	?	
Princess	112	USA	Híbrido	Crimson Seedless X Fresno B40-208
Queen	113	USA	<i>V. vinifera</i>	Muscat de Hamburgo X Sultanina
Red Globe	114	USA	<i>V. vinifera</i>	(Hunisa X Emperor) X (Hunisa X Emperor X Nocera)
Regina dei Vigneti	115	Hungria	<i>V. vinifera</i>	Erzseber Kiralyne Emleke X Perle von Csaba
Regina Roma	116	?	?	
Reliance	117	USA	Híbrido	Ontario X Suffolk Red
Rodi	118	Itália	<i>V. vinifera</i>	Zibibbo X Sultanina
Roni Redi	119	?	?	
Rosaki Rosada	120	?	<i>V. vinifera</i>	
Ruby Seedless	121	USA	<i>V. vinifera</i>	Emperor X Sultana Moscata
Saint Jeannet	122	França	<i>V. vinifera</i>	
Saturn	123	USA	Híbrido	Dunstan 210 X New York 45791
Seyve Villard 12327	124	França	Híbrido	Seibel 6468 X Seibel 6905
Seyve Villard 12375	125	França	Híbrido	Seibel 6468 X Seibel 6905
Seyve Villard 20365	126	França	Híbrido	Panse de Provence X Seyve Villard 12375
Soraya	127	Brasil	Híbrido	(Highland X Golden Queen) X Pirovano 215
Sovrana Pirovano	128	Itália	<i>V. vinifera</i>	Frakenthal X Delizia de Vaprio
Stover	129	USA	Híbrido	Mantey X Roucaneuf

Tabela 1 - Continuação

Acessos	Número	Origem	Espécie	Pedigree
Uvas de mesa e/ou passa				
Suffolk Red	130	USA	Híbrido	Fredonia X Kishmish Chernyi
Superior Seedless	131	USA	<i>V. vinifera</i>	Cardinal X ?
Sultanina Branca	132	Turquia	<i>V. vinifera</i>	Clone de Thompson Seedless
Sultana Moscata	133	Itália	<i>V. vinifera</i>	Zibibbo X Sultanina
Tardia de Caxias	134	Brasil	Híbrido	Niagara Branca X Catawba Rosa
Thompson Seedless	135	Turquia	<i>V. vinifera</i>	
Vênus	136	USA	Híbrido	Alden X New York 46000
Acessos de uvas para processamento				
Altesse	1	França	<i>V. vinifera</i>	
Ancellotta	2	Itália	<i>V. vinifera</i>	
Aramon	3	França	<i>V. vinifera</i>	
Baco Blanc	4	França	<i>V. vinifera</i>	Folle Blanche X Noah
Barbera	5	Itália	<i>V. vinifera</i>	
Bordô	6	USA	Híbrido	(Isabella x Labrusca) X O.P.
BRS Lorena	7	Brasil	Híbrido	Malvasia Bianca X Seival
BRS Rubea	8	Brasil	Híbrido	Niagara Rosada X Bordo
Burger	9	Alemanha	<i>V. vinifera</i>	Heunisch x (<i>Vitis sylvestris</i> x Traminer)
Cabernet Sauvignon	10	França	<i>V. vinifera</i>	Cabernet Franc X Sauvignon Blanc ¹
Campanário	11	Portugal	<i>V. vinifera</i>	Camarate Preto X Fernao Pires
Carignane	12	França	<i>V. vinifera</i>	
Castelão	13	Portugal	<i>V. vinifera</i>	
Chasselas Doré	14	França	<i>V. vinifera</i>	
Chenin Blanc	15	França	<i>V. vinifera</i>	
Cinsaut	16	França	<i>V. vinifera</i>	
Colombard	17	França	<i>V. vinifera</i>	Heunisch Weiss X Chenin Blanc
Feher Szagos	18	Hungria	<i>V. vinifera</i>	
Flora	19	USA	<i>V. vinifera</i>	Semillon X Traminer
Gamay	20	França	<i>V. vinifera</i>	Pinot x Heunisch Weiss
Gamay Beaujolais	21	França	<i>V. vinifera</i>	
Gewurztraminer	22	Alemanha	<i>V. vinifera</i>	
Grand Noir	23	França	<i>V. vinifera</i>	Aramon X Petit Bouschet
Grenache	24	Espanha	<i>V. vinifera</i>	
Lassif	25	?	?	
Malvasia Branca	26	Portugal	<i>V. vinifera</i>	
Malvasia Chartreuse	27	?	?	
Malvasia di Lipari	28	Itália	<i>V. vinifera</i>	
Mars	29	USA	Híbrido	Island belle X A1339
Moscato Embrapa	30	Brasil	Híbrido	Couderc 13 X July Muscat
Moscato di Canelli	31	Itália	<i>V. vinifera</i>	Muscat de Alexandria X ?
Mouверdre	32	Espanha	<i>V. vinifera</i>	
Muller Thurgau	33	Suíça	<i>V. vinifera</i>	
Olivette Noire	34	França	<i>V. vinifera</i>	
Palomino	35	Espanha	<i>V. vinifera</i>	
Pedro Ximenez	36	Espanha	<i>V. vinifera</i>	
Periquita	37	Portugal	<i>V. vinifera</i>	
Petit Syrah FR	38	França	<i>V. vinifera</i>	Dureza de Ardeche X Mondeuse Blanche

Tabela 1 - Continuação

Acessos	Número	Origem	Espécie	Pedigree
Uvas para processamento				
Petit Syrah RS	39	França	<i>V. vinifera</i>	Dureza de Ardeche X Mondeuse Blanche
Petit Verdot	40	França	<i>V. vinifera</i>	
Peverella	41	Itália	<i>V. vinifera</i>	
Red Vletliner	42	?	?	
Regner	43	Alemanha	<i>V. vinifera</i>	Luglienca Bianca X Gamay Precoco
Riesling do Reno	44	Alemanha	<i>V. vinifera</i>	
Riesling Itálico	45	França	<i>V. vinifera</i>	
Riesling Renano	46	Alemanha	<i>V. vinifera</i>	
Royalty	47	USA	<i>V. vinifera</i>	Alicante Ganzen X Trousseau
România	48	?	?	
Ruby Cabernet	49	USA	<i>V. vinifera</i>	Cabernet Sauvignon X Carignan
Sangiovese	50	Itália	<i>V. vinifera</i>	
Sauvignon Blanc	51	França	<i>V. vinifera</i>	Traminer X ?
Seara Nova	52	Portugal	<i>V. vinifera</i>	Diagalves X Fernao Pires
Semillon	53	França	<i>V. vinifera</i>	
Siegerrebe	54	Alemanha	<i>V. vinifera</i>	Madeleine Angevine x Traminer Rot
Soução	55	Portugal	<i>V. vinifera</i>	
Sylvaner	56	Áustria	<i>V. vinifera</i>	Oesterreichisch Weiss x Traminer
Tampa	57	USA	Híbrido	<i>Vitis smalliana</i> O.P. X Niagara
Tannat	58	França	<i>V. vinifera</i>	
Tempranillo	59	Espanha	<i>V. vinifera</i>	
Tibouren	60	França	<i>V. vinifera</i>	
Tinta Roriz	61	Espanha	<i>V. vinifera</i>	
Tocai Friulano	62	Itália	<i>V. vinifera</i>	
Riparia do Traviu	63	Brasil	<i>V. riparia</i>	
Trebbiano Toscano	64	Itália	<i>V. vinifera</i>	
Ugni Blanc	65	Itália	<i>V. vinifera</i>	
		França/		
Verdea	66	Itália	<i>V. vinifera</i>	

2.3. Análises Estatísticas

Os 202 acessos de videira da coleção de germoplasma da Embrapa Semi-Árido foram classificados *a priori* em dois grupos de acordo com a sua utilização: consumo *in natura* (uvas de mesa) e processamento (uvas de vinho e suco).

As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa computacional Genes (Cruz, 2006), desenvolvido no laboratório de Bioinformática/Bioagro da Universidade Federal de Viçosa. Para a realização das análises multivariadas, obteve-se as distâncias genéticas entre todos os pares de acessos, utilizando-se como medidas de dissimilaridade a Distância Euclidiana Média para as variáveis contínuas e o Índice de Dissimilaridade para as classes de variáveis multicategóricas. Esses dados foram utilizados para a geração das matrizes de dissimilaridade.

A Distância Euclidiana Média é dada pela expressão:

$$d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{v} \sum_j (y_{ij} - y_{i'j})^2}$$

Em que, y_{ij} é o valor no i-ésimo acesso para a j-ésima característica e v é o número de características estudadas.

O índice de dissimilaridade é dado pela expressão:

$$d_{ii'} = \frac{D}{C + D}$$

Este índice de dissimilaridade entre cada par de acessos é estabelecido em função da concordância (C) e discordância (D) de categorias ou classes para as características estudadas.

A análise de agrupamento foi realizada pelo método de otimização de Tocher. Utilizando a matriz de dissimilaridade obtida previamente, foram identificados o par de acessos mais similares que formaram o grupo inicial e a partir daí avaliou-se a possibilidade de inclusão de novos acessos ao grupo, considerando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor de que a distância média intergrupos. A inclusão ou não de um indivíduo k no grupo foi feita considerando:

- se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} \leq \theta$, incluiu-se o indivíduo k no grupo;

- se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} > \theta$, não se incluiu o indivíduo k no grupo.

Onde, θ é o valor máximo da medida de dissimilaridade observado no conjunto das menores distâncias de cada indivíduo; n é o número de indivíduos que constitui o grupo original. A distância entre o acesso k e o grupo formado pelos acessos ij é dada por:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$$

A diversidade entre os acessos baseada em variáveis multicategóricas foi visualizada através da projeção gráfica das distâncias no espaço tridimensional. As distâncias entre os acessos foram convertidas em escores relativos a três variáveis (X, Y, Z), de modo que refletisse as distâncias originalmente obtidas a partir do espaço n-dimensional, sendo n, o número de características avaliadas. A eficiência da projeção foi estimada por meio das seguintes estatísticas:

a) Grau de distorção ($1 - \alpha$), considerando que:

$$\alpha = \frac{\sum_{i < i'} \sum d_{gii'}^2}{\sum_{i < i'} \sum d_{oii'}^2}$$

Onde, $d_{gii'}^2$ e $d_{oii'}^2$ são as distâncias gráficas e originais, respectivamente, de todos os pares de acessos i e i';

b) Coeficiente de correlação entre as distâncias originais e as que foram representadas no gráfico de dispersão;

c) Coeficiente de estresse de Kruskal (1964), dado por:

$$S = \frac{\sum_{i < i'} \sum (d_{oij} - d_{gij})^2}{\sqrt{\sum_{i < i'} \sum d_{oii'}^2}}$$

A magnitude e significância da correlação das medidas de dissimilaridade determinada pelas variáveis contínuas e multicategóricas foi avaliada pela estatística Z (teste de Mantel) para verificar a correlação entre as matrizes de distâncias dos dois grupos de caracteres, como também verificar a correlação de cada grupo com a matriz soma.

A diversidade foi analisada ainda utilizando-se o método de análise multivariada de componentes principais. Neste método, as funções são obtidas em ordem decrescente de importância, de tal forma que a primeira função (Y_{i1}) explica o máximo da variância entre os grupos, a segunda (Y_{i2}), ortogonal à primeira, explica o máximo da variância remanescente e assim sucessivamente (Cruz et al., 2004). A importância relativa dos caracteres empregados na discriminação dos grupos foi avaliada segundo o critério de peso das

variáveis nos autovetores. Os autovetores e autovalores foram estimados a partir da matriz de correlação dos dados padronizados dos valores originais. Foram consideradas de menor importância, as variáveis com maiores pesos, desde o último autovetor até aquele associado a um autovalor igual ou inferior a 0,70 (Cruz et al., 2004). Em seguida, as dissimilaridades entre os acessos foram visualizadas por meio de dispersão gráfica no espaço bi ou tridimensional.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Diversidade genética de acessos de uvas de mesa

3.1.1. Caracteres morfo-agronômicos de variação contínua

Na Tabela 2 podem ser observados os valores médios para doze variáveis avaliadas em 136 acessos de uvas de mesa, de acordo com os grupos obtidos pelo método de otimização de Tocher. Houve a formação de 30 grupos (Tabela 3). No grupo 1 estão incluídos 41 ou 30,14% dos acessos de uvas de mesa da coleção. O grupo 2 é formado por 23 acessos (16,92%), os grupos 3 e 5 são compostos por 7 acessos (5,15%), os grupos 4, 7 e 9 consistiram de 4 acessos cada um (2,94%), o grupo 6 apresentou 10 acessos (7,35%), os grupos 8 e 12 foram compostos por 3 acessos (2,21%), o grupo 10 foi formado por 5 acessos (3,68%), os grupos 11 e 13 à 17 apresentaram 2 acessos cada um (1,47%), e os demais grupos foram formados cada um deles por 1 acesso (0,74%). Evidencia-se a presença de variabilidade genética entre os acessos de uvas de mesa desta coleção, pelo grande número de grupos formados e a distribuição satisfatória dos acessos nestes grupos, o que possibilita a identificação de genitores para a formação de populações segregantes com ampla base genética. Exemplos de alguns cultivares de videira demonstrando variabilidade para caracteres como cor das bagas, forma e tamanho de cachos e bagas podem ser observados na Figura 2.

Em geral, não foi possível se identificar uma tendência na formação dos grupos, tais como uma característica comum, genealogia ou origem geográfica. Os grupos 1 e 2 agruparam cultivares tão distintos quanto àqueles de diferentes origens geográficas; espécies, tais como *Vitis vinifera*, *Vitis labrusca* e híbridos interespecíficos; cultivares com sementes e sem sementes. Estes resultados estão de acordo com àqueles obtidos em guaranazeiro (Nascimento Filho et al., 2001) e feijão caupi (Oliveira et al., 2003) onde não se observou uma correlação entre a diversidade geográfica e genética. Martinello et al. (2002) também não obtiveram uma separação dos acessos de quiabo segundo a sua espécie botânica quando utilizou análise multivariada de características quantitativas. Segundo estes autores, isto pode ser explicado por que tais características são controladas por muitos genes, sendo afetadas por fatores ambientais.

A seguir ressaltam-se apenas os grupos que apresentaram alguma característica de interesse. No grupo 1 houve uma predominância de cultivares de uvas sem sementes, que representou 63,4% deste grupo, 'Thompson Seedless' e suas sinônimas 'Catalunha' e 'Sultanina Branca' foram incluídas neste grupo. A grande maioria dos cultivares do tipo moscatel foram incluídos no grupo 2.

Tabela 2 – Classificação de 136 acessos de uvas de mesa, médias, máximos e mínimos, de acordo com a análise de agrupamento de Tocher, considerando-se doze caracteres morfo-agronômicos de variação contínua.

Acessos	Grupo	DC	PR	NC	PC	CC	LC	PB	CB	DB	SST	ATT	SST/ATT
A1118	1	103	2,37	18	167	13,65	8,49	3,69	20,71	17,52	16,42	0,83	23,0
Beauty Seedless	1	94	1,37	11	141	13,25	7,21	1,81	16,03	15,52	15,73	0,70	25,9
Blush Seedless	1	100	0,42	3	92	11,40	7,20	2,00	17,90	13,30	16,90	0,68	25,2
Bronx Seedless	1	95	2,34	15	163	18,20	6,77	2,89	18,34	16,39	17,47	0,80	24,7
Canner	1	106	1,59	7	156	14,50	7,20	2,60	19,80	15,00	14,70	0,46	32,2
Catalunha	1	98	0,38	5	56	13,94	6,69	1,57	14,72	12,60	17,94	0,80	23,9
Centenial Seedless	1	99	1,03	8	121	17,87	6,65	2,41	21,14	14,97	17,68	0,77	25,0
Damarim	1	121	3,45	21	174	15,01	8,08	1,66	15,10	13,47	15,65	0,64	27,1
CG 87746	1	94	0,75	11	68	12,15	5,40	1,65	14,48	13,74	18,95	0,67	32,0
CG 87908	1	99	2,64	16	174	15,69	8,58	2,02	16,55	13,66	16,00	0,53	33,3
Crimson Seedless	1	94	2,78	15	91	13,79	6,17	2,39	18,67	14,17	16,05	0,39	29,8
Dawn Seedless	1	104	1,47	9	168	15,19	7,85	2,56	22,49	14,69	15,18	0,58	29,5
Early Muscat	1	108	3,34	35	145	13,26	6,38	3,46	19,19	17,59	17,17	0,66	26,9
Fiesta	1	92	1,60	13	141	17,09	7,12	1,83	16,33	13,96	18,49	0,68	31,8
Flame Seedless	1	97	1,02	10	120	14,21	6,23	2,33	16,46	15,36	17,56	0,59	33,7
Frakental	1	117	2,60	19	182	12,19	6,79	3,15	17,80	16,92	16,68	0,60	28,8
H 449100	1	95	1,27	13	104	11,12	6,32	1,91	15,17	14,20	16,93	0,67	33,7
H44969	1	108	3,18	24	139	14,02	7,64	2,03	16,07	14,30	17,74	0,70	27,6
Juliana	1	99	3,37	26	146	13,16	6,61	2,33	16,73	15,59	16,48	0,58	29,9
July Muscat	1	101	3,19	31	133	12,55	6,22	3,51	19,18	17,71	17,28	0,70	26,0
Júpiter	1	91	3,57	36	133	13,40	7,13	2,85	20,64	15,60	17,98	0,63	32,4
Lakemon Seedless	1	83	1,50	21	90	12,78	5,40	1,58	15,13	13,50	17,62	0,65	28,4
Loose Perlete	1	95	0,62	6	89	15,62	6,21	1,72	17,40	15,96	16,78	0,69	25,9
Madeleine Royale	1	94	3,24	30	136	13,48	7,03	2,12	16,11	14,93	16,07	0,86	21,5
Moscatel Branca	1	120	2,68	23	134	11,04	6,89	3,02	17,91	16,59	16,11	0,72	24,1
Moscatel Grega	1	103	2,64	34	103	13,91	5,38	1,96	15,57	14,75	16,56	0,53	33,7
Muscat de Saint Vallier	1	111	3,13	24	168	16,51	8,40	3,32	19,32	17,07	17,70	0,62	29,4
Orange Muscat	1	102	2,07	21	114	12,41	5,76	2,57	16,69	15,99	18,06	0,79	25,2
Panse Precose	1	98	1,84	15	174	13,97	7,53	3,69	20,61	17,74	15,83	0,67	28,3
Paulistinha	1	92	1,53	19	95	13,15	5,44	1,63	16,04	13,41	18,43	0,87	23,8
Perla de Gralia	1	91	1,93	20	127	11,81	6,78	2,04	15,89	14,79	15,51	0,57	28,7
Perlette	1	107	1,74	11	134	15,07	7,87	2,37	17,48	14,94	15,94	0,97	21,0
Reliance	1	91	0,80	11	81	10,53	6,23	1,80	15,18	14,09	19,31	0,67	32,6
Rodi	1	92	0,90	10	105	13,59	6,59	2,06	16,57	14,87	17,41	0,48	31,1
Saturn	1	102	1,61	19	110	12,66	6,44	2,60	20,58	14,58	17,81	0,52	41,1
Seyve Vilard 12327	1	121	4,39	30	200	14,13	8,18	2,83	19,47	15,77	17,03	0,70	27,3
Seyve Vilard 12375	1	110	0,95	12	116	10,90	7,34	1,96	15,70	14,23	17,50	0,70	28,1
Sutanina Branca	1	96	0,60	5	122	15,30	7,07	2,15	18,01	15,04	16,82	0,93	18,9
Sutanina Moscato	1	108	1,22	9	173	15,76	8,17	3,56	20,32	17,10	15,66	0,79	22,6
Thompson Seedless	1	100	0,83	8	131	16,02	6,91	1,75	16,49	14,97	18,96	0,79	29,0
Vênus	1	94	1,63	12	140	12,94	6,86	2,96	18,53	16,59	19,91	0,57	38,3
Média		100	1,94	17	131	13,83	6,91	2,40	17,62	15,20	17,07	0,68	28,32
Máximo	1	121	4,39	36	200	18,20	8,58	3,69	22,49	17,74	19,91	0,97	41,13
Mínimo		83	0,38	3	56	10,53	5,38	1,57	14,48	12,60	14,70	0,39	18,91
Baresana	2	129	5,84	38	237	15,97	7,99	4,63	20,28	19,34	17,23	0,50	38,2
Beni Fugi	2	122	4,50	21	202	15,76	7,40	5,65	22,86	19,82	16,66	0,51	31,0
Branca Salitre	2	134	6,28	27	341	16,72	10,29	4,47	20,66	19,04	17,61	0,48	40,5
Ferral	2	128	4,45	23	301	17,33	9,14	4,79	24,04	18,69	17,16	0,45	39,1
Gross Colman	2	131	5,63	37	237	15,24	8,32	4,55	19,89	19,42	14,69	0,47	33,2
Império	2	117	3,72	16	271	14,35	9,03	4,82	21,25	19,06	17,31	0,53	34,3
Itália	2	125	4,50	18	358	17,34	9,77	6,51	25,14	20,91	18,23	0,56	34,3
Kagina	2	118	4,68	28	240	16,23	9,59	5,75	22,96	21,02	14,59	0,38	38,4
Marengo	2	104	4,25	19	268	18,60	8,83	4,19	20,28	17,99	15,87	0,63	26,6
Marroo Seedless	2	104	6,00	31	275	15,17	10,80	4,10	20,38	17,84	15,65	0,57	29,4
Moscato de Alexandria	2	124	4,95	26	273	15,89	9,69	4,93	22,16	19,50	18,40	0,57	32,8
Muscat de Hamburgo	2	111	6,68	45	189	15,24	8,36	3,56	18,98	17,39	17,53	0,59	31,1
Moscatel Nazareno	2	110	6,74	47	233	17,79	8,83	2,82	17,23	16,33	17,21	0,59	30,3
Moscatel Rosada	2	117	5,46	21	280	17,44	9,63	3,63	19,11	17,99	18,11	0,53	38,0
Muscat Caillaba	2	114	5,35	31	233	15,83	9,53	3,95	19,81	18,44	17,11	0,55	33,5
Muscat Noir	2	112	6,95	41	231	15,82	9,11	4,02	20,10	18,65	17,64	0,68	30,9
Neo Muscat	2	135	2,26	22	160	15,63	7,65	4,13	20,31	18,54	17,85	0,56	37,8
Perlona	2	128	3,69	21	270	17,08	8,48	4,93	21,43	19,32	17,22	0,65	27,0
Piratininga	2	123	6,93	18	361	16,74	9,98	6,64	23,82	20,42	18,23	0,55	34,8
Portuguesa Blanes	2	122	2,84	10	276	15,20	10,33	3,38	18,48	17,75	17,47	0,57	31,4
Regina Roma	2	123	2,95	17	311	15,91	9,29	4,90	23,89	18,60	17,70	0,45	39,9
Saint Jeannet	2	131	2,46	13	272	15,08	8,44	4,11	19,83	18,45	18,03	0,36	33,9
Soraya	2	120	5,76	28	243	16,84	8,89	5,75	26,78	19,14	16,88	0,63	28,5
Média		121	4,91	26	264	16,23	9,10	4,62	21,29	18,85	17,15	0,54	33,70
Máximo	2	135	6,95	47	361	18,60	10,80	6,64	26,78	21,02	18,40	0,68	40,54
Mínimo		104	2,26	10	160	14,35	7,40	2,82	17,23	16,33	14,59	0,36	26,57

Tabela 2 - Continuação

Acessos	Grupo	DC	PR	NC	PC	CC	LC	PB	CB	DB	SST	ATT	SST/ATT
Benitaka	3	122	3,77	11	345	17,38	9,90	6,21	24,83	20,67	15,82	0,70	30,1
Brasil	3	119	3,56	10	280	16,66	9,33	6,92	25,74	21,53	16,51	0,63	29,2
CG 90450	3	134	4,02	15	278	18,81	10,61	6,14	22,69	21,20	16,01	0,37	42,7
Dona Maria	3	127	5,21	26	299	15,77	10,16	7,47	28,21	21,39	17,85	0,49	41,5
Itália Muscat	3	130	5,18	14	432	19,02	11,36	7,02	26,06	21,66	17,75	0,56	33,7
Queen	3	133	3,35	11	322	15,04	10,18	6,41	25,18	21,05	14,98	0,61	28,3
Red Globe	3	126	5,09	12	453	18,69	10,17	7,86	25,49	22,98	16,58	0,50	36,2
Média		127	4,31	14	344	17,34	10,24	6,86	25,46	21,50	16,50	0,55	34,54
Máximo	3	134	5,21	26	453	19,02	11,36	7,86	28,21	22,98	17,85	0,70	42,74
Mínimo		119	3,35	10	278	15,04	9,33	6,14	22,69	20,67	14,98	0,37	28,29
Aurora	4	124	3,08	42	112	14,08	7,53	2,02	15,56	14,19	20,91	0,81	33,0
IAC 77526	4	116	3,07	34	109	13,55	7,41	1,74	14,65	13,66	21,71	0,69	33,0
Isabel	4	115	2,74	50	77	9,69	5,59	2,42	17,03	14,99	19,01	0,65	29,71
Lake Esmerald	4	134	3,28	46	94	12,92	6,64	1,29	13,34	12,19	22,34	0,69	33,8
Média		122	3,04	43	98	12,56	6,79	1,87	15,14	13,76	20,99	0,71	32,37
Máximo	4	134	3,28	50	112	14,08	7,53	2,42	17,03	14,99	22,34	0,81	33,76
Mínimo		115	2,74	34	77	9,69	5,59	1,29	13,34	12,19	19,01	0,65	29,71
CG 26916	5	143	1,22	6	175	16,61	6,89	5,13	24,71	18,97	17,29	0,50	37,2
Cristmas Rose	5	141	1,80	7	311	17,04	8,89	4,83	22,77	19,28	14,46	0,44	35,4
Dattier de Beiroth	5	138	2,58	19	182	14,68	7,66	4,42	22,56	18,42	14,88	0,47	36,0
Dattier Saint Vallier	5	131	1,65	12	199	13,53	8,56	3,33	20,26	16,67	17,13	0,40	41,9
Dom Mariano	5	149	3,14	13	227	15,00	8,65	4,82	24,25	18,64	14,58	0,44	37,8
Emperatriz	5	140	0,63	5	176	19,01	8,98	3,50	20,52	17,58	14,48	0,33	43,0
Emperor	5	145	2,21	8	342	20,18	9,72	4,84	22,78	19,15	13,94	0,37	38,3
Média		141	1,89	10	230	16,58	8,48	4,41	22,55	18,39	15,25	0,42	38,51
Máximo	5	149	3,14	19	342	20,18	9,72	5,13	24,71	19,28	17,29	0,50	42,96
Mínimo		131	0,63	5	175	13,53	6,89	3,33	20,26	16,67	13,94	0,33	35,42
A1105	6	116	2,93	15	182	13,85	9,03	4,49	23,74	18,17	20,96	0,57	40,5
Ângelo Pirovano	6	133	3,56	18	245	15,15	7,86	3,48	20,93	18,20	19,56	0,43	47,9
Califórnia	6	128	3,02	11	267	15,50	9,94	3,72	19,14	17,64	19,40	0,42	47,5
CG 28467	6	126	0,55	4	238	16,25	8,50	3,16	18,83	16,95	17,70	0,37	49,4
CG 351	6	120	2,78	15	168	16,96	8,10	2,26	16,90	14,75	17,89	0,50	38,6
CG 39915	6	120	2,65	10	183	16,29	8,92	1,93	17,86	13,73	15,88	0,41	43,5
Emerald	6	126	0,53	4	189	16,70	7,35	3,39	19,89	17,20	18,65	0,54	34,3
Neptune	6	119	1,67	14	146	12,52	6,50	3,01	22,35	14,91	19,81	0,53	46,2
Princess	6	123	1,14	9	152	12,39	7,65	4,15	23,38	17,39	17,78	0,39	47,5
Seyve Vilard 20365	6	119	2,48	17	174	14,12	8,04	3,21	20,25	16,35	20,00	0,38	47,0
Média		123	2,13	12	194	14,97	8,19	3,28	20,32	16,53	18,76	0,46	44,23
Máximo	6	133	3,56	18	267	16,96	9,94	4,49	23,74	18,20	20,96	0,57	49,36
Mínimo		116	0,53	4	146	12,39	6,50	1,93	16,90	13,73	15,88	0,37	34,31
Ceilad	7	110	3,51	13	349	18,95	10,91	3,38	18,53	17,64	17,93	0,55	32,6
CG 4113	7	125	6,63	26	278	17,91	11,69	2,48	18,05	15,82	16,65	0,43	38,7
CG 33716	7	103	3,03	9	315	16,03	11,07	3,07	19,23	16,60	16,53	0,50	33,6
Sovrana Pirovano	7	100	3,86	16	264	15,22	10,62	3,12	18,01	16,96	14,63	0,60	26,5
Média		109	4,26	16	301	17,03	11,07	3,01	18,45	16,75	16,43	0,52	32,84
Máximo	7	125	6,63	26	349	18,95	11,69	3,38	19,23	17,64	17,93	0,60	38,67
Mínimo		100	3,03	9	264	15,22	10,62	2,48	18,01	15,82	14,63	0,43	26,46
Seleção 1	8	115	1,10	3	331	18,78	9,83	4,04	28,48	17,37	16,44	0,44	38,8
Seleção 2	8	115	1,50	6	247	16,85	10,25	4,87	29,89	17,53	19,07	0,43	44,5
Seleção 4	8	110	0,83	4	179	13,45	7,58	5,66	30,78	18,18	17,60	0,49	41,3
Média		113	1,15	4	252	16,36	9,22	4,86	29,72	17,69	17,70	0,45	41,53
Máximo	8	115	1,50	6	331	18,78	10,25	5,66	30,78	18,18	19,07	0,49	44,55
Mínimo		110	0,83	3	179	13,45	7,58	4,04	28,48	17,37	16,44	0,43	38,75
BRS Clara	9	99	0,36	5	82	12,71	6,66	2,66	20,98	14,57	22,00	0,52	43,0
BRS Morena	9	99	1,13	9	122	10,38	6,63	3,74	22,00	17,20	18,63	0,37	51,4
Himrod Seedless	9	94	0,37	4	85	10,84	5,09	2,26	17,78	15,04	19,89	0,43	50,1
Niagara Rosada	9	111	0,68	8	110	10,23	5,87	3,60	19,68	17,41	17,68	0,50	36,6
Média		101	0,64	6	100	11,04	6,06	3,06	20,11	16,05	19,55	0,45	45,26
Máximo	9	111	1,13	9	122	12,71	6,66	3,74	22,00	17,41	22,00	0,52	51,39
Mínimo		94	0,36	4	82	10,23	5,09	2,26	17,78	14,57	17,68	0,37	36,59
A1581	10	95	2,05	16	148	11,91	7,16	4,15	22,62	19,31	16,29	0,84	21,9
Cardinal	10	96	3,61	21	234	17,12	8,18	5,75	24,97	20,92	15,76	0,54	30,8
CG 102024	10	101	1,81	12	119	15,51	6,63	4,70	22,54	19,13	14,02	0,68	22,6
Regina dei Vigneti	10	100	3,21	17	180	12,43	7,47	5,05	22,37	19,49	15,94	0,50	33,1
Superior Seedless	10	98	1,04	5	226	14,48	8,23	5,01	27,22	19,45	14,26	0,51	28,3
Média		98	2,34	14	181	14,29	7,53	4,93	23,94	19,66	15,25	0,62	27,34
Máximo	10	101	3,61	21	234	17,12	8,23	5,75	27,22	20,92	16,29	0,84	33,12
Mínimo		95	1,04	5	119	11,91	6,63	4,15	22,37	19,13	14,02	0,50	21,95
Delight	11	97	0,31	6	57	9,70	5,33	1,49	15,15	13,28	18,13	0,56	34,6
Sulfolk Red	11	107	1,02	18	43	11,65	4,52	1,36	13,29	12,77	19,51	0,74	28,9
Média	11	102	0,67	12	50	10,68	4,92	1,42	14,22	13,02	18,82	0,65	31,75

Tabela 2 - Continuação

Acessos	Grupo	DC	PR	NC	PC	CC	LC	PB	LB	DB	SST	ATT	SST/ATT
CG 38049	12	128	2,67	48	86	13,42	6,31	3,11	12,44	12,04	16,64	0,39	45,1
Himoront	12	141	3,82	43	133	13,02	7,24	2,86	20,20	15,78	18,66	0,50	39,1
Liberty	12	134	1,71	27	76	12,82	6,24	2,19	16,03	14,98	18,26	0,51	37,7
Média	12	134	2,73	39	98	13,09	6,60	2,72	16,22	14,26	17,85	0,47	40,63
Adona	13	136	6,27	50	200	16,34	8,14	2,43	17,69	14,98	21,42	0,44	49,6
Patrícia	13	132	5,90	36	271	16,48	7,24	3,19	19,61	16,73	19,68	0,57	38,7
Média	13	134	6,09	43	236	16,41	7,69	2,81	18,65	15,85	20,55	0,51	44,12
Feal	14	114	6,06	44	205	18,83	10,50	1,75	14,92	13,75	18,60	0,59	33,7
Ferlongo	14	115	6,63	37	253	17,39	12,48	2,99	17,42	16,28	16,55	0,71	25,8
Média	14	114	6,34	40	229	18,11	11,49	2,37	16,17	15,02	17,58	0,65	29,76
Blue Lake	15	130	1,35	26	64	10,29	5,35	1,53	14,31	13,41	15,38	0,90	18,9
Stover	15	119	1,21	37	58	7,71	4,64	1,70	16,32	12,93	16,55	0,62	30,1
Média	15	124	1,28	32	61	9,00	5,00	1,61	15,32	13,17	15,96	0,76	24,49
Isabel Precoce	16	123	5,40	39	183	10,87	5,88	2,55	17,26	15,22	17,27	0,82	22,26
Maria	16	98	4,62	36	171	15,03	8,23	2,42	17,17	15,31	17,15	1,08	18,6
Média	16	110	5,01	37	177	12,95	7,05	2,48	17,21	15,27	17,21	0,95	20,43
Estevão Marinho	17	130	9,90	24	543	19,37	12,53	6,20	22,72	20,99	16,81	0,60	34,0
Itália clone 1	17	133	5,90	17	546	22,53	15,95	6,61	24,83	20,68	16,63	0,56	30,3
Média	17	131	7,90	20	545	20,95	14,24	6,40	23,77	20,83	16,72	0,58	32,15
Monte Serrat	18	109	5,99	22	352	21,37	12,04	5,90	22,78	20,89	15,64	0,68	24,3
Rubi Seedless	19	121	2,65	12	317	18,85	10,79	7,13	19,68	16,83	16,46	0,42	41,4
Fantasy Seedless	20	110	2,78	15	330	16,33	10,34	5,52	23,45	18,49	18,13	0,85	34,2
Rosaki Rosada	21	140	6,99	33	326	15,56	9,34	4,73	23,28	18,53	17,61	0,32	52,3
CG 102295	22	100	3,73	17	229	17,83	14,72	3,08	17,77	18,77	17,23	0,86	22,3
Itália Melhorada	23	129	1,12	4	315	16,10	10,14	7,76	28,04	21,81	18,88	0,44	43,7
Dominga	24	146	1,82	7	261	16,81	8,26	5,39	26,27	19,25	11,85	0,51	24,6
Roni red	25	119	2,31	16	145	13,23	6,87	5,65	23,59	20,23	20,26	0,55	38,3
Isaura	26	129	1,28	12	120	11,93	7,27	4,74	19,10	15,33	13,18	0,43	33,8
Pasiga (=CG 26858)	27	97	0,96	6	143	16,14	7,34	2,42	17,21	15,82	13,96	0,99	22,2
BRS Linda	28	99	1,37	15	126	11,97	6,30	4,09	22,97	17,37	15,67	0,28	58,1
Dona Zila	29	137	0,50	5	97	9,71	5,60	2,37	18,04	15,41	16,20	0,35	46,8
Tardia de Caxias	30	109	0,52	9	60	8,14	4,18	1,46	12,14	11,35	16,91	1,08	15,8

DC: Duração do ciclo (Dias entre a poda e colheita); PR: produção/planta (Kg); NC: número de cachos/planta; PC: Peso de cachos (g); CC: Comprimento de cachos (cm); LC: Largura de cachos (cm); PB: Peso de Bagas (g); CB: Comprimento de bagas (mm); DB: Diâmetro de bagas (mm); SST: Sólidos Solúveis Totais (°Brix); ATT: Acidez Total Titulável (% ácido tartárico); SST/ATT: Relação °Brix/Acidez Total Titulável.

Tabela 3 – Agrupamento de acordo com o método de otimização de Tocher, considerando-se doze caracteres de variação contínua avaliados em 136 acessos de uvas de mesa.

Grupos	Acessos
1	49 76 77 75 60 89 63 100 124 96 101 2 83 8 104 91 59 125 62 118 37 80 82 39 58 123 12 135 36 103 117 136 15 43 20 24 32 22 133 105 132
2	90 95 92 94 86 7 93 88 61 13 57 67 106 9 127 116 84 78 111 97 122 71 107
3	10 14 113 72 114 45 33
4	6 66 79 68
5	41 46 40 38 53 52 42
6	5 19 126 25 112 98 1 51 26 28
7	23 35 128 34
8	108 109 110
9	16 65 18 99
10	21 115 131 29 3
11	44 130
12	64 81 27
13	4 102
14	55 56
15	11 129
16	69 85
17	50 73
18	87
19	121
20	54
21	120
22	30
23	74
24	47
25	119
26	70
27	31
28	17
29	48
30	134



Cultivar Red Globe



Cultivar Tibouren



Cultivar Ugni Blanc



Cultivar Palomino



Cultivar Petite Syrah



Cultivar Thompson Sds



Cultivar Estevão Marinho



Cultivar A Dona



Cultivar Brasil

Figura 2 – Nove cultivares de videira pertencentes à Coleção de germoplasma da Embrapa Semi-Árido demonstrando variabilidade para cor, forma e tamanho de cachos e bagas.

O grupo 3 foi composto por clones do cultivar Itália de bagas vermelhas como 'Benitaka' e 'Brasil', bem como, 'Itália Muscat', que possui teor de sólidos solúveis e sabor moscatel mais acentuado que o cultivar Itália. Neste grupo predominaram cultivares que se destacam pelo tamanho de suas bagas, além daqueles já citados, pertencem ainda a este grupo: 'CG 90450', 'Dona Maria', 'Queen' e 'Red Globe'. O grupo 4 foi formado pelos cultivares 'Aurora' e 'IAC 77526' desenvolvidos pelo Instituto Agronômico de Campinas que correspondem ao mesmo genótipo, pois constituem uma sinonímia já conhecida (Pommer, 1993). O cultivar 'Isabel', presente neste mesmo grupo foi separado de seu clone 'Isabel precoce' que ficou no grupo 16. Vale a pena ressaltar, que outros casos de sinonímia como 'Dattier de Saint Vallier' e 'Seyve Villard 20365', 'Emperatriz' e 'CG 28467' (*Vitis International Variety Catalogue*, 2008) foram separados em grupos distintos, o que demonstra que a técnica de agrupamento utilizando caracteres morfo-agronômicos contínuos não foi eficiente em agrupar genótipos idênticos.

Os cultivares BRS Clara e BRS Morena, desenvolvidos pela Embrapa Uva e Vinho, foram colocados no grupo 9, juntamente com 'Niágara Rosada' e 'Himrod Seedless'.

O grupo 17, o qual incluiu os cultivares 'Itália clone 1' e 'Estevão Marinho', destacou-se pela produção e tamanho dos cachos (peso, comprimento e largura), conforme pode ser visto na Tabela 2. A cv. Itália e os seus clones 'Itália clone 1', 'Itália melhorada' e 'Itália Muscat', que possuem bagas brancas, mas se diferenciam pelo tamanho das bagas, teor de sólidos solúveis e sabor moscatel mais acentuado foram separados em diferentes grupos, respectivamente, grupos 2, 17, 23 e 3. Portanto, observou-se que o método não foi eficiente em agrupar clones.

Considerando-se todas as possíveis combinações para cada um dos acessos, observou-se que a grande maioria apresentou distâncias máximas em relação a um dos dois cultivares: 'Tardia de Caxias' (acesso 134) e 'Itália clone 1' (acesso 73), indicando que estes cultivares foram os mais divergentes neste conjunto de acessos de uvas de mesa. A distância máxima observada entre ambos foi $d = 3,55$. Por outro lado, os cultivares Early Muscat e July Muscat apresentaram a menor distância ($d = 0,21$) entre todos os pares de acessos analisados.

A seleção de genótipos com base somente na divergência genética, sem considerar seus próprios desempenhos, não é uma boa estratégia em um programa de melhoramento. Assim, a recomendação de cruzamentos em programas de melhoramento entre genótipos divergentes, mas que apresentem desempenho superior nas principais características de importância agronômica, é a mais indicada. Considerando-se este aspecto, podem ser observados na Tabela 2 os valores médios dos caracteres fenotípicos contínuos avaliados em todos os acessos, bem como, médias, máximos e mínimos para cada grupo. Os dados

apresentados nesta Tabela poderão auxiliar na seleção de genitores aliando-se os aspectos da diversidade genética e comportamento agronômico.

Oliveira (1995) relatou que a média de uma população segregante depende da frequência dos alelos favoráveis e da frequência de locos em heterozigose. Quando os genitores utilizados são adaptados, a frequência de alelos favoráveis é alta. A videira tem sido selecionada e propagada vegetativamente ao longo de milhares de anos desde o início do processo de sua domesticação e cultivo, o que, contribuiu para o acúmulo de alelos favoráveis. Sendo ainda, uma espécie altamente heterozigota, espera-se, portanto, obter o máximo efeito heterótico nas gerações segregantes a partir do cruzamento de genitores divergentes.

Considerando-se a estatística multivariada, espera-se encontrar alto grau de similaridade entre os genótipos pertencentes a um mesmo grupo. Dessa forma, deve-se evitar cruzamentos dentro de um mesmo grupo. Segundo Nascimento Filho et al. (2001), o cruzamento dos clones de guaranazeiro mais produtivos nos diferentes grupos permitiu a obtenção de populações segregantes superiores.

Considerando-se como objetivo principal de um programa de melhoramento, o desenvolvimento de uvas sem sementes com elevada produtividade, uma das possíveis estratégias recomendadas seria o cruzamento de cultivares comerciais que apresentam características agronômicas desejáveis, mas por outro lado, baixa produtividade e pequeno tamanho de bagas como é o caso de 'Thompson Seedless' (grupo 1), com os cultivares mais divergentes e que possuem produtividade elevada e bagas grandes como 'Itália clone 1', que possui divergência genética máxima ($d = 2,60$) e 'Estevão Marinho' ($d = 2,50$), ambos do grupo 17. Outros cruzamentos recomendados com 'Thompson Seedless' seria com 'Itália melhorada' ($d = 2,03$), do grupo 23, 'Red Globe' ($d = 2,22$) e 'Dona Maria' ($d = 2,08$), do grupo 3.

Quando se utilizou a análise multivariada por componentes principais, a maior parte da variabilidade foi retida nos quatro primeiros componentes principais que explicaram 82,78% da variância e foram utilizados para plotar os acessos no espaço tri-dimensional (Figura 3). O componente principal 1, representou 44,16% da variância total, e as variáveis com maior peso neste componente foram peso de cachos, peso de bagas e diâmetro de bagas (Tabela 4). O componente 2 explicou 16,67% da variância total, estando associado às seguintes características: relação SST/ATT e acidez total titulável (ATT). O componente 3 explicou 14,77% da variância dos dados originais e foi representado principalmente pelas variáveis número de cachos por planta, teor de sólidos solúveis totais (SST) e produção por planta. O componente 4, representou 7,18% da variância total, e a variável com maior peso foi teor de sólidos solúveis totais (SST).

Os caracteres com maiores pesos nos últimos cinco autovetores, até um valor inferior ou igual a 0,70, apresentam menor contribuição na discriminação dos grupos e são passíveis de serem descartados. Foram eles, em ordem decrescente de importância: peso de cachos (PC), peso de bagas (PB), relação SST/ATT, largura de cachos (LC) e comprimento de bagas (CB).

Matheou et al. (1995a) realizaram análises multivariadas em 41 cultivares de uvas de mesa de um Banco de Germoplasma na Grécia e obtiveram três componentes principais que responderam por 69,6% da variância total. O componente principal 1 foi associado à duração do ciclo e produção, o componente principal 2 foi correlacionado com características do cacho e o componente principal 3 foi relacionado à produção e fertilidade de gemas. Estes autores, em outro estudo, encontraram ainda dois componentes principais que explicaram 68,1% da variância, sendo o componente 1 ligado às características de tamanho da baga e o componente 2, relacionado à maturação do fruto (teor de sólidos solúveis e acidez total) (Matheou et al., 1995b).

A representação gráfica dos escores dos quatro primeiros componentes principais demonstrou que houve uma coerência com os grupos formados pelo método de otimização de Tocher. Como pode ser observado nas Figuras 3A e 3B, considerando-se os grupos com maior número de acessos, os grupos 1 e 4 posicionaram-se do lado direito do eixo X, enquanto os grupos 2 e 3 foram situados do lado esquerdo e os grupos 5 e 6 na porção inferior. As cultivares 'Tardia de Caxias' (acesso 134) e 'Itália clone 1' (acesso 73) que apresentaram máxima distância foram posicionadas em extremidades opostas no espaço tridimensional.

Correlações significativas ($p < 0,05$ e $0,01$) foram observadas entre muitos caracteres estudados, entretanto, em geral elas foram de baixa magnitude (Tabela 5). Merecem destaque as correlações positivas e significativas ($p < 0,01$) entre peso de cachos e as características de tamanho de cachos e bagas: comprimento de cachos ($r = 0,76$), largura de cachos ($r = 0,86$), peso de bagas ($r = 0,76$), comprimento de bagas ($r = 0,61$) e diâmetro de bagas ($r = 0,76$). Outras correlações positivas elevadas foram obtidas entre comprimento de cachos e largura de cachos ($r = 0,78$), peso de bagas e comprimento de bagas ($r = 0,85$), peso de bagas e diâmetro de bagas ($r = 0,92$), e comprimento de bagas e diâmetro de bagas ($r = 0,81$). Por outro lado, observou-se correlação negativa significativa entre acidez total titulável e relação SST/ATT ($r = -0,83$).

Considerando-se os resultados obtidos pela análise de componentes principais e correlações, a variável peso de bagas poderia, em futuros trabalhos, ser dispensada na avaliação de caracteres morfo-agronômicos de variação contínua de acessos de uvas de mesa.

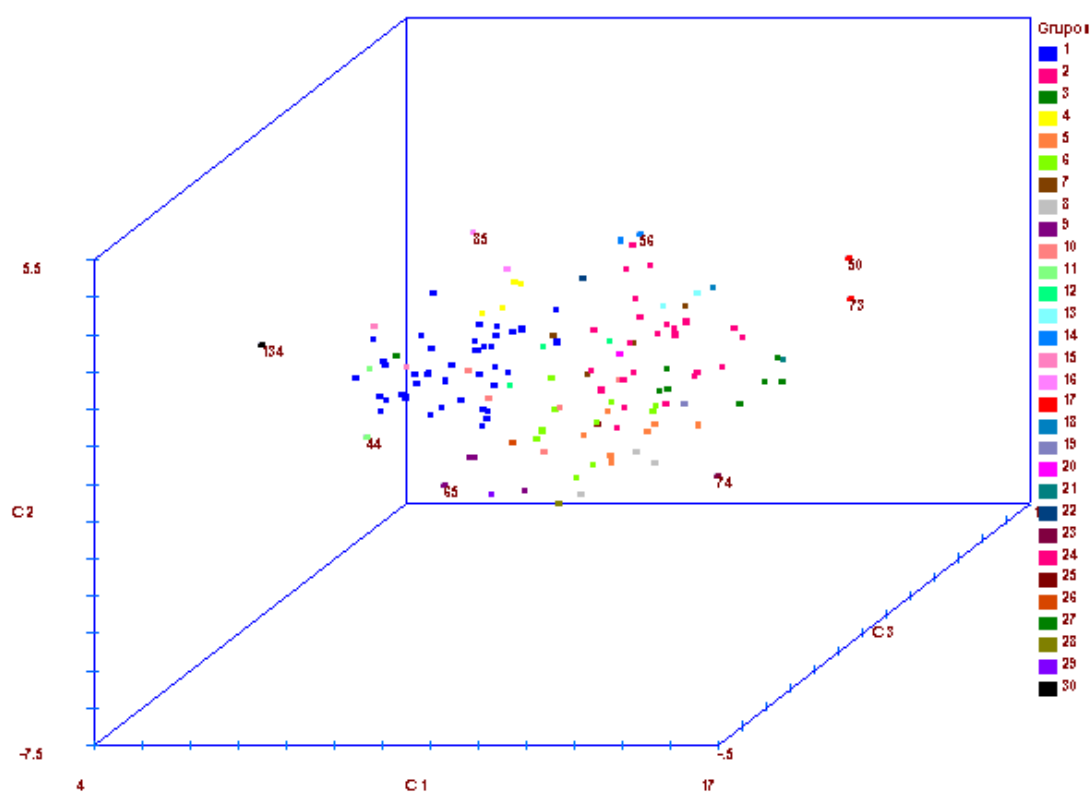
Tabela 4 – Estimativas de autovalores (λ) e autovetores associados aos componentes principais em 136 acessos de uvas de mesa e doze características morfo-agronômicas de variação contínua. Valores em negrito destacam a característica de maior peso no respectivo autovetor.

Características	CP 1	CP 2	CP 3	CP 4	CP 5	CP 6	CP 7	CP 8	CP 9	CP 10	CP 11	CP 12
DC	0,2515	-0,1477	0,2658	-0,421	0,0973	0,7984	-0,022	0,0334	0,018	0,0719	0,0972	0,0644
PR	0,2563	0,3813	0,3874	-0,0758	-0,0627	-0,2582	0,1529	-0,1286	0,4327	0,0558	0,3082	0,4871
NC	-0,0108	0,3343	0,5801	-0,293	-0,226	-0,1949	0,2577	0,2214	-0,2835	-0,0724	-0,2192	-0,3572
PC	0,3999	0,141	-0,0072	0,1365	0,1242	0,0502	-0,3265	-0,1463	0,4547	-0,0843	-0,3521	-0,5637
CC	0,3233	0,2076	-0,0461	0,2754	0,4335	0,0559	-0,7424	-0,1519	-0,0211	-0,062	-0,0012	0,0535
LC	0,3525	0,2129	0,0039	0,2569	0,329	-0,0115	-0,4173	0,4571	-0,4995	0,0934	0,0705	0,099
PB	0,3853	-0,0597	-0,1435	-0,0568	-0,3783	0,0033	-0,0233	-0,1811	-0,2253	-0,2826	-0,5689	0,4397
CB	0,3407	-0,1866	-0,2233	0,0328	-0,3931	-0,06	0,2744	0,649	0,3205	0,169	0,1018	-0,0439
DB	0,383	0,0016	-0,1555	-0,032	-0,3646	-0,0626	-0,0113	-0,4365	-0,3442	0,1123	0,5181	-0,3179
SST	-0,0923	-0,1345	0,4423	0,7187	-0,3244	0,2636	0,0128	-0,0944	-0,0222	0,263	-0,0818	0,0323
ATT	-0,2049	0,5025	-0,1979	0,1898	-0,2716	0,3766	-0,0299	0,1456	0,0536	-0,5821	0,2238	-0,0275
SST/ATT	0,1432	-0,5511	0,3334	0,1133	0,1202	-0,1826	-0,0347	0,0728	0,0072	-0,6601	0,2436	-0,0493
λ	5,30	2,00	1,77	0,86	0,78	0,52	0,25	0,16	0,12	0,09	0,08	0,06
λ (%) acumulada	44,16	60,84	75,60	82,78	89,27	93,64	95,73	97,09	98,10	98,88	99,53	100

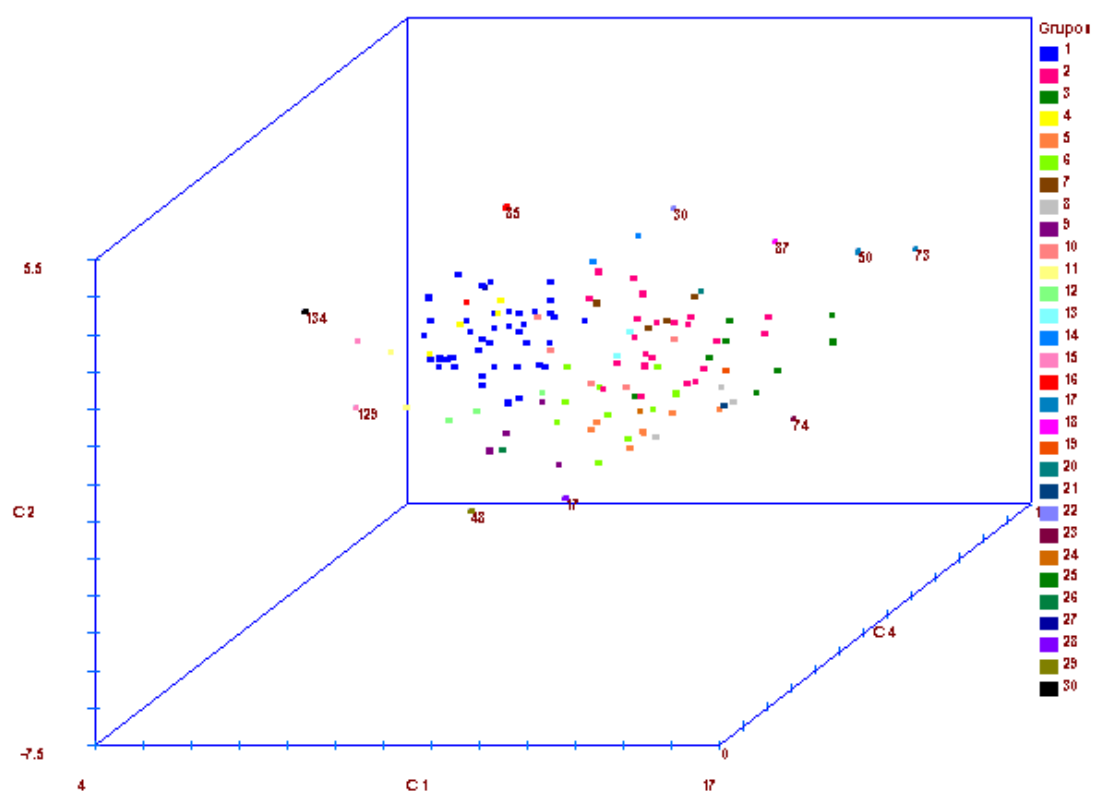
Tabela 5 – Coeficientes de correlação de Pearson entre doze caracteres de variação contínua em 136 acessos de uvas de mesa da coleção de germoplasma de videira da Embrapa Semi-Árido.

Características	DC	PR	NC	PC	CC	LC	PB	CB	DB	SST	ATT
PR	0,24**										
NC	0,28**	0,1 ^{ns}									
PC	0,46**	0,59**	0,23 ^{ns}								
CC	0,30**	0,43**	0,07 ^{ns}	0,76**							
LC	0,34**	0,57**	0,12 ^{ns}	0,86**	0,78**						
PB	0,45**	0,31**	0,23**	0,76**	0,51**	0,58**					
CB	0,34**	0,14 ^{ns}	0,17*	0,61**	0,43**	0,46**	0,85**				
DB	0,39**	0,36**	0,19*	0,76**	0,54**	0,61**	0,92**	0,81**			
SST	-0,05 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,18*	-0,17*	-0,16*	-0,22**	-0,19*	-0,24**		
ATT	-0,44**	-0,09 ^{ns}	-0,1 ^{ns}	-0,28**	-0,18*	-0,19*	-0,36**	-0,39**	-0,31**	0,03 ^{ns}	
SST/ATT	0,40**	0,01 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,16 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,24**	0,30**	0,16 ^{ns}	0,33**	-0,83**

(**) e (*) significativos a 1 e 5% de probabilidades, respectivamente, pelo teste t.



(A)



(B)

Figura 3 - Dispersão gráfica de 136 acessos de uvas de mesa em relação aos componentes principais 1, 2 e 3 (A) e 1, 2 e 4 (B), estabelecido pela combinação linear de 12 caracteres morfo-agronômicos de variação contínua. As cores diferenciam os grupos de acordo com a análise de agrupamento de Tocher.

3.1.2. Caracteres morfo-agronômicos de variáveis multicategóricas

Observou-se variação em todos os caracteres fenotípicos multicategóricos avaliados. A análise de agrupamento pelo método de otimização de Tocher resultou na formação de 9 grupos, assim distribuídos: 48 acessos (35,3%) no grupo 1; 15 acessos (11,2%) no grupo 2; 28 acessos (20,6%) no grupo 3; 27 acessos (19,8%) no grupo 4; 10 acessos (7,3%) no grupo 5; 3 acessos (2,2%) nos grupos 6 e 7 e finalmente 1 acesso (0,7%) nos grupos 8 e 9. Como pode-se observar na Tabela 6, a formação dos grupos diferiu daquela realizada com base nos caracteres de variação contínua.

Merecem destaque o grupo 3, constituído apenas por acessos com consistência de polpa mucilagínosa e fundente, bem como, a grande maioria dos cultivares do tipo moscatel. Os cultivares americanos também foram incluídos neste grupo. O grupo 4 foi formado exclusivamente por cultivares de uvas sem sementes. Os clones do cultivar Itália que possuem bagas vermelhas, 'Benitaka' e 'Brasil' foram incluídos no mesmo grupo 1 que o cultivar Itália e o clone 'Itália 1', ambos de bagas brancas. Entretanto, os clones 'Itália melhorada' e 'Itália muscat', que se diferenciam pelo sabor moscatel mais acentuado, foram colocados no grupo 7. Não foi possível agrupar os acessos que constituem sinônimas, ou seja, que representam o mesmo genótipo quando se utilizou variáveis multicategóricas.

A projeção gráfica das distâncias apresentada na Figura 4, evidenciou a formação de dois grupos distintos no plano tridimensional quando se considerou como variável classificatória a presença/ausência de sementes nas bagas. A correlação entre distâncias originais e estimadas foi de 0,71, enquanto o grau de distorção foi 13,21% e o coeficiente de estresse foi de 27,88. Segundo Cruz et al. (2004), o processo de dispersão das medidas de dissimilaridade no plano pode ser considerado satisfatório quando os coeficientes que expressam o grau de distorção e o estresse são inferiores a 20%.

Tabela 6 – Agrupamento de acordo com o método de otimização de Tocher, considerando-se seis variáveis multicategóricas avaliadas em 136 acessos de uvas de mesa.

Grupos	Acessos
1	1 38 42 116 47 57 84 127 87 10 14 40 52 102 41 53 25 61 26 107 45 115 46 78 113 114 5 71 96 82 100 3 2 13 101 29 21 33 105 60 134 73 27 83 104 76 120 50
2	8 86 44 108 125 19 109 110 126 111 23 12 124 128 55
3	9 99 48 81 11 68 69 129 97 119 95 117 94 91 49 56 89 92 67 106 79 62 90 93 75 88 63 36
4	16 43 112 18 54 39 22 24 135 28 17 70 98 20 35 131 58 118 121 4 51 123 59 132 77 65 133
5	6 122 7 37 32 80 31 85 130 30
6	34 103 15
7	72 74 66
8	64
9	136

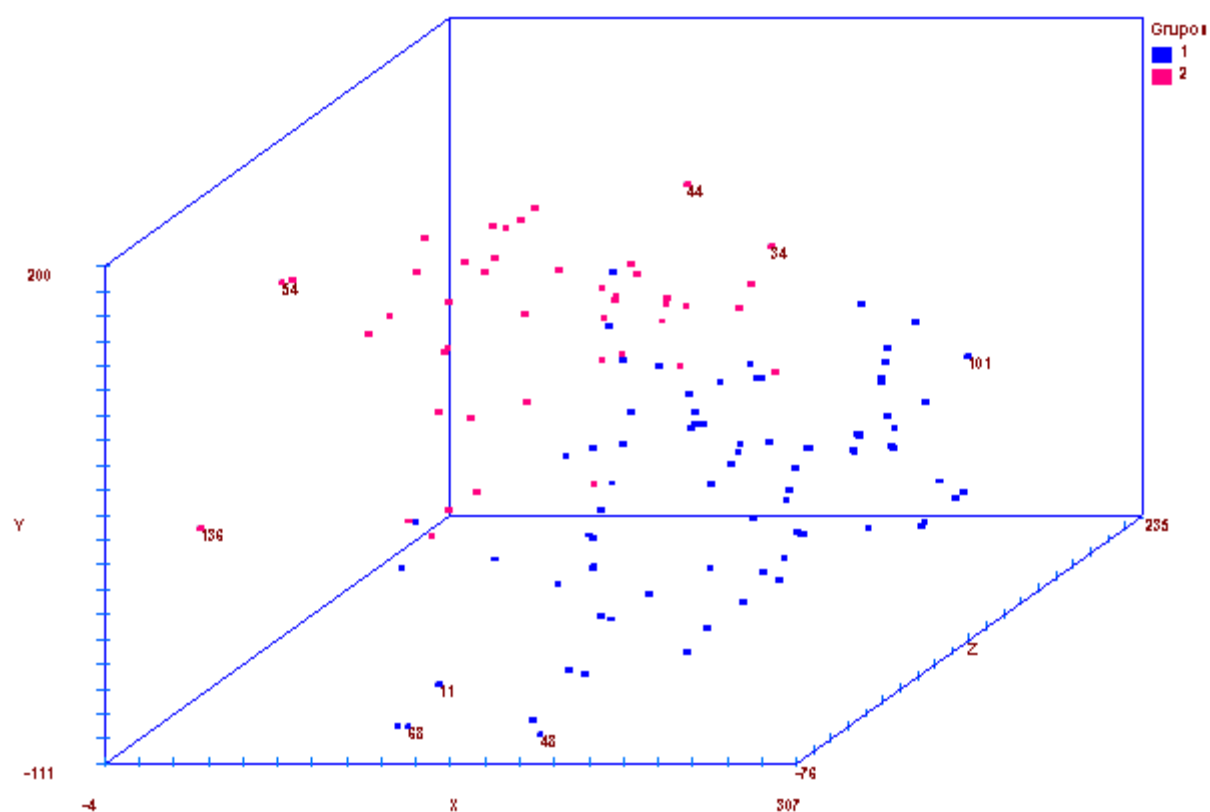


Figura 4 – Projeção gráfica das distâncias de 136 acessos de uvas de mesa, estimadas a partir de 6 caracteres morfo-agronômicos multicategóricos, utilizando como variável classificatória a presença (grupo 1) ou ausência de sementes (grupo 2).

3.2. Diversidade genética de acessos de uvas para processamento

3.2.1. Caracteres morfo-agronômicos de variação contínua

Na Tabela 7 podem ser observados as médias de cada cultivar, e ainda, valores médios, máximos e mínimos por grupo, de acordo o método de Tocher, em relação a nove caracteres morfo-agronômicos estudados. A análise de agrupamento permitiu a formação de 12 grupos (Tabela 8). O grupo 1 foi composto por 41 ou 62% dos acessos, demonstrando a pequena variabilidade dos acessos de uva para vinhos e sucos nesta coleção, considerando-se os caracteres morfo-agronômicos de variação contínua analisados. Cultivares muito distintos em relação a aspectos como genealogia, origem geográfica e aptidão enológica, foram incluídos neste grupo. Noventa por cento dos cultivares pertenceram a espécie *Vitis vinifera*, entretanto, híbridos interespecíficos, tais como, 'Mars' e 'Tampa' da Universidade do Arkanzas, e 'Moscatto Embrapa' e 'BRS Rubra' desenvolvidos pela Embrapa Uva e Vinho, pertenceram ao mesmo grupo. As variáveis contínuas avaliadas também não foram eficientes na separação dos acessos em relação a sua aptidão enológica, pois, no grupo 1 foram observados cultivares destinados à produção de vinhos com as mais distintas características. Boseli et al. (2000) avaliaram 11 cultivares de uvas brancas da região da Campanha, na Itália, através de análise de agrupamento e componentes principais com base em 29 medidas foliares. Eles observaram a formação de quatro grupos, sendo que, no grupo composto pelos cultivares 'Asprinio', 'Falanghina di Benevento' e 'Greco di Tufo' foram observadas significativas diferenças nas características dos vinhos produzidos, embora sejam similares quanto à morfologia foliar, o que sugeria, segundo os autores, uma origem filogenética comum. Os clones do cultivar Petite Syrah que diferem quanto a sua procedência, como era de se esperar, fizeram parte do mesmo grupo 1. O grupo 2 foi formado por 11 acessos (17%). O cultivar Chenin Blanc, do qual se produz um dos mais importantes vinhos brancos aromáticos do Vale do Submédio São Francisco foi incluído neste grupo, juntamente com os seguintes cultivares: 'Aramon', 'Burguer', 'Carignane', 'Colombard', 'Grand Noir', 'Malvasia Bianca', 'Malvasia Chartreuse', 'Mouvedre', 'Ugni Blanc' e 'Verdea'. Os grupos 3, 4, 5 e 6 foram compostos por dois acessos (3%) cada um deles, e os demais grupos apresentaram um único acesso (1,52%).

A distância máxima ($d = 3,07$) foi observada entre 'Müller Thurgau' (grupo 5) e 'Barbera' (grupo 1), enquanto a mínima ($d = 0,24$) foi obtida entre 'Regner' e 'Romania', ambos do grupo 1.

A seleção de genitores para a realização de cruzamentos deve levar em consideração não apenas a divergência genética entre os acessos, mas também, o seu desempenho agrônomo e características enológicas.

Tabela 7 – Classificação de 66 acessos de uvas para processamento, médias, máximos e mínimos, de acordo com a análise de agrupamento de Tocher, considerando-se nove caracteres de variação contínua.

Acessos	Grupo	DC	PR	NC	PC	CC	LC	SST	ATT	SST/ATT
Altesse	1	109	3,44	45	94	10,01	5,37	19,50	0,70	29,50
Ancelota	1	119	1,63	37	87	10,13	5,20	20,18	0,55	37,90
Baco Blanc	1	118	1,63	15	109	10,63	5,51	18,21	0,90	26,30
Barbera	1	119	1,86	29	89	10,80	5,25	20,05	0,69	29,44
BRS Rubea	1	103	2,98	37	168	15,24	7,15	21,13	0,72	36,27
Cabernet Sauvignon	1	133	1,45	26	76	9,36	5,51	13,70	1,35	21,14
Castelão	1	119	6,23	37	218	13,25	7,55	17,65	0,54	32,60
Chanssela Doré	1	108	5,99	38	164	12,35	5,47	17,62	0,61	28,83
Cinsaut	1	119	2,88	32	119	12,07	5,31	19,91	0,96	23,40
Feher Szagos	1	107	2,73	14	143	11,16	5,68	20,56	0,76	28,75
Gamay	1	117	3,49	24	204	12,27	9,40	18,67	0,74	28,36
Gamay Beaujolais	1	116	3,45	36	129	10,42	7,08	19,58	0,71	29,48
Gewurztraminer	1	120	3,30	25	251	14,44	7,91	19,65	0,71	35,88
Grenache	1	132	3,93	43	113	10,90	6,19	17,86	0,73	30,48
Lassif	1	118	3,37	22	209	14,35	9,58	19,99	0,59	35,86
Malvasia di Lipari	1	101	2,69	29	138	11,59	6,33	17,64	0,71	27,66
Mars	1	115	2,91	37	107	10,60	5,78	17,11	0,51	43,59
Moscato Embrapa	1	111	2,34	26	140	13,69	6,24	21,53	0,56	43,52
Moscato di Canelli	1	126	3,49	21	187	13,83	6,69	19,48	0,66	31,63
Periquita	1	119	1,17	9	89	9,37	5,80	20,30	0,50	29,60
Petit Sirah (FR)	1	115	3,39	35	109	14,91	5,69	20,44	0,91	27,70
Petit Sirah (RS)	1	121	2,61	27	90	10,39	5,53	19,54	0,54	37,97
Petit Verdot	1	119	0,74	10	126	11,75	5,75	18,50	0,74	26,18
Peverella	1	123	4,70	25	201	17,00	6,20	20,10	0,56	36,55
Red Vletliner	1	116	3,60	19	169	14,90	5,95	20,49	0,61	34,94
Regner	1	119	3,45	30	110	11,35	5,67	18,64	0,59	31,72
Riesling Itálico	1	116	3,00	44	76	9,84	4,56	18,78	0,76	26,51
Riesling Renano	1	123	2,88	46	75	9,71	4,76	19,12	0,68	33,20
România	1	121	2,86	30	107	12,83	5,80	18,42	0,58	32,24
Ruby Cabernet	1	119	1,19	20	118	11,24	5,55	18,01	0,80	24,44
Sangiovese	1	129	2,40	26	161	13,36	5,43	19,12	0,66	33,51
Sauvignon Blanc	1	120	2,21	23	124	11,04	5,32	18,46	0,69	29,62
Seara Nova	1	119	5,19	33	191	14,34	7,05	19,01	0,75	29,81
Semillon	1	108	3,57	34	114	11,91	5,62	19,03	0,68	29,65
Souzão	1	125	3,52	32	142	13,36	5,86	21,00	0,67	36,69
Sylvaner	1	118	4,31	54	111	9,27	5,03	19,36	0,54	36,95
Tampa	1	120	1,60	25	99	11,36	5,65	17,15	0,82	27,63
Tannat	1	121	4,16	27	182	12,06	6,25	19,88	0,69	30,84
Tibouren	1	130	3,82	36	161	14,28	7,43	17,39	0,47	38,33
Tocay Fruilano	1	124	2,35	31	130	11,70	6,55	17,70	0,57	42,42
Trebbiano Toscano	1	132	1,17	11	110	11,05	5,42	18,36	0,61	31,72
Média		119	3,02	29	135	12,05	6,10	18,99	0,69	31,92
Máximo	1	133	6,23	54	251	17,00	9,58	21,53	1,35	43,59
Mínimo		100	0,74	9	75	9,27	4,56	13,70	0,47	21,14
Aramon	2	136	3,95	24	225	16,19	8,34	16,93	0,58	30,38
Burguer	2	130	5,45	26	269	17,23	7,32	16,74	0,71	25,26
Carignane	2	133	5,71	41	212	14,02	6,99	17,38	0,68	25,80
Chenin Blanc	2	132	6,37	35	265	14,44	6,96	18,05	0,85	26,24
Colombard	2	119	5,39	51	194	14,70	8,88	17,38	0,59	29,92
Grand Noir	2	129	5,17	33	228	15,06	7,82	19,33	0,55	41,73

Tabela 3 - Continuação

Acessos	Grupo	DC	PR	NC	PC	CC	LC	SST	ATT	SST/ATT
Malvasia Bianca	2	136	4,12	14	365	16,63	8,45	17,43	0,51	34,36
Malvasia Chartrense	2	126	2,84	16	220	16,83	8,79	18,38	0,47	39,96
Mouverdre	2	126	5,24	21	300	15,74	8,89	16,53	0,47	37,73
Ugni Blanc	2	131	6,55	24	240	16,76	7,32	18,91	0,53	36,67
Verdea	2	133	3,55	22	206	16,57	6,61	20,03	0,75	42,26
Média		130	4,94	28	247	15,83	7,85	17,91	0,61	33,67
Máximo	2	136	6,55	51	365	17,23	8,89	20,03	0,85	42,26
Mínimo		119	2,84	14	194	14,02	6,61	16,53	0,47	25,26
Bordô	3	110	0,72	4	39	7,23	3,67	19,00	0,82	24,05
Tempranillo	3	119	1,20	16	83	9,08	5,15	21,00	0,92	24,04
Média	3	115	0,96	10	61	8,15	4,41	20,00	0,87	24,04
Flora	4	122	6,11	40	180	12,88	5,77	21,09	0,53	40,72
Tinta Roriz	4	119	4,74	36	126	13,97	8,37	21,73	0,44	51,11
Média	4	120	5,43	38	153	13,43	7,07	21,41	0,49	45,92
Muller Thurgau	5	133	2,79	8	421	19,06	10,92	18,01	0,49	37,22
Palomino	5	118	4,85	22	340	19,01	11,30	17,04	0,73	27,87
Média	5	125	3,82	15	380	19,03	11,11	17,53	0,61	32,54
Olivette Noire	6	106	4,22	16	190	16,99	8,44	16,89	0,66	30,57
Riparia do Traviu	6	110	5,27	47	130	14,32	10,57	18,69	0,53	30,09
Média	6	108	4,74	32	160	15,66	9,51	17,79	0,60	30,33
Campanário	7	131	4,98	46	174	12,04	6,91	15,73	0,44	36,30
Riesling do Reno	8	127	0,47	8	126	9,30	6,85	16,50	0,67	24,82
Siegerrebe	9	87	0,53	6	174	13,85	8,90	21,38	0,48	44,25
Roialty	10	120	0,92	9	76	9,20	4,67	20,13	0,51	42,40
Pedro Ximenes	11	114	0,54	3	158	11,03	9,00	18,13	1,11	16,36
BRS Lorena	12	138	0,99	9	97	9,03	5,81	17,82	0,89	43,42

DC: Duração do ciclo (Dias entre a poda e colheita); PR: produção/planta (Kg); NC: número de cachos/planta; PC: Peso de cachos (g); CC: Comprimento de cachos (cm); LC: Largura de cachos (cm); SST: Sólidos Solúveis Totais ($^{\circ}$ Brix); ATT: Acidez Total Titulável (%ácido tartárico); SST/ATT: Relação $^{\circ}$ Brix/ Acidez Total Titulável

Tabela 8 – Agrupamento de acordo com o método de otimização de Tocher, de nove variáveis quantitativas avaliadas em 66 acessos de uvas para processamento (vinho/suco).

Grupos	Acessos																						
1	43	48	51	5	39	50	58	31	21	53	55	42	2	46	1	45	24	52	62	57	49	18	
	40	4	28	64	10	16	38	22	20	37	14	29	56	41	60	25	8	30	13				
2	23	65	66	27	3	32	26	9	12	15	17												
3	6	59																					
4	19	61																					
5	33	35																					
6	34	63																					
7	11																						
8	44																						
9	54																						
10	47																						
11	36																						
12	7																						

O grupo 12 representado pelo cultivar BRS Lorena teve o ciclo fenológico mais longo, 138 dias, enquanto 'Siegerrebe', no grupo 9, foi o cultivar mais precoce, colhido aos 87 dias. O grupo 4 destacou-se pela maior produção média por planta e o grupo 5 por apresentar maior tamanho de cachos (peso, comprimento e largura), e conteúdo de sólidos solúveis totais (SST). 'Pedro Ximenez', no grupo 11, e 'Campanario', no grupo 7, apresentaram, respectivamente o maior e menor valor para acidez total titulável. Por sua vez, a melhor relação SST/ATT foi observada no grupo 4.

A avaliação de um maior número de caracteres, sobretudo àqueles relacionados à qualidade do vinho, tais como: antocianinas, polifenóis, taninos, entre outros, é necessária não apenas para uma melhor diferenciação dos grupos, como também para fornecer informações mais completas para a seleção de genitores baseados em suas características fenotípicas.

A análise de componentes principais demonstrou serem necessários quatro componentes para explicar 84,12% da variação total presente nos dados originais. O componente principal 1 explicou 36,67% da variância total, sendo um coeficiente associado às características de tamanho do cacho (peso, comprimento e largura). O componente 2, representando 18,66% da variância, foi associado às características químicas do mosto (relação SST/ATT, ATT e SST). O componente 3, explicando 15,99% da variância, foi um fator correlacionado com a produção (número de cachos e produção por planta). Finalmente, o componente principal 4, explicando 12,79% da variância total, pode ser considerado um índice correlacionado com a maturação dos cachos, pois os maiores escores foram obtidos para duração do ciclo fenológico, relação SST/ATT, ATT e SST. Fatahi et al. (2004) analisaram 90 cultivares de videira utilizando a estatística multivariada de componentes principais e encontraram que sete componentes foram necessários para explicar 81% da variância total, sendo que o primeiro fator foi relacionado com as características das bagas e o segundo fator foi associado com as características dos cachos.

Observando-se a Tabela 9, é possível identificar as variáveis de maiores pesos nos últimos autovetores. Entretanto, o maior escore no último autovetor foi superior à 0,70, associado à característica peso de cachos, indicando que nenhuma característica é passível de descarte. A dispersão gráfica dos acessos com base nos quatro primeiros componentes principais (Figura 5A e 5B) permitiu uma boa visualização dos grupos estabelecidos pelo método de Tocher. O grupo 1, composto por 41 acessos (cor azul), foi nitidamente separado do grupo 2, com 11 acessos (cor rosa). Também os grupos 3 e 4, cada um deles com 2 acessos, respectivamente representados pelas cores verde e amarela, podem ser facilmente distintos, pois foram plotados separados dos demais grupos.

Assim como ocorreu na análise de correlações entre os caracteres morfo-agronômicos avaliados nos acessos de uvas de mesa, foi observada, também nos acessos de uvas para processamento, a existência de correlações positivas e significativas entre as características de peso de cachos e comprimento de cachos ($r = 0,84$), peso de cachos e largura de cachos ($r = 0,76$), comprimento de cachos e largura de cachos ($r = 0,74$), bem como correlação negativa entre acidez total titulável e relação SST/ATT ($r = -0,68$). Fatahi et al. (2004) mencionaram correlações positivas entre produção e peso de cachos ($r = 0,48$), produção e número de cachos ($r = 0,69$), produção e tamanho de cachos ($r = 0,51$), duração do ciclo e produção por planta ($r = 0,23$), duração do ciclo e peso de cachos ($r = 0,22$) e tamanho da baga e peso de cacho ($r = 0,57$).

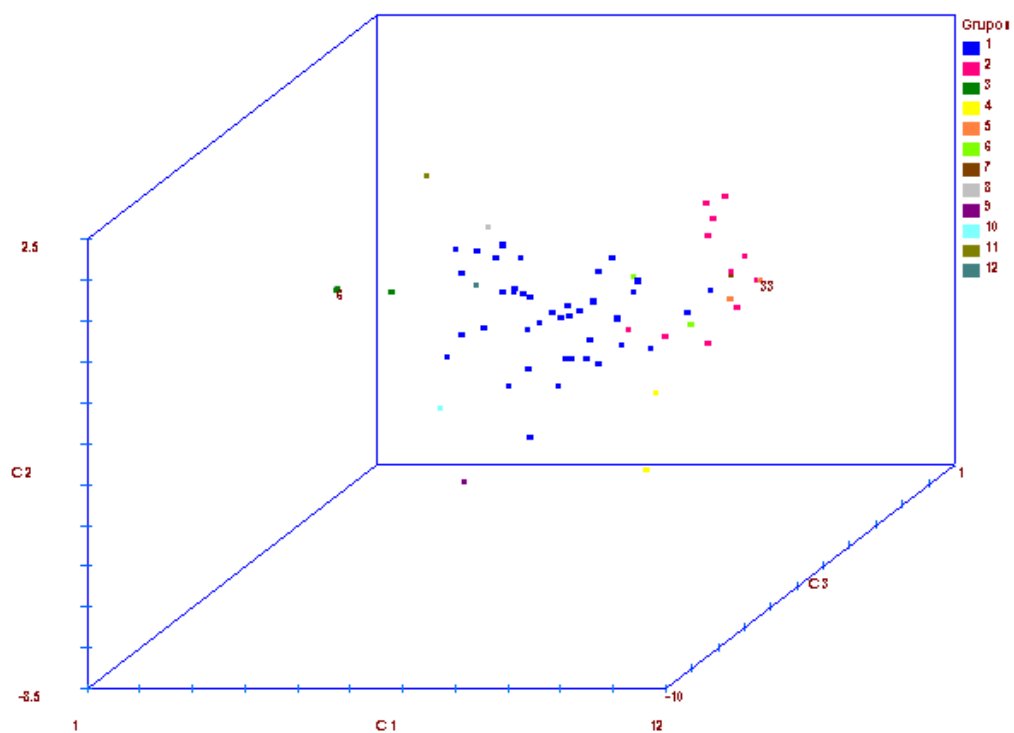
Tabela 9 - Estimativas de autovalores (λ) e autovetores associados aos componentes principais em 66 acessos de uvas para processamento e nove características morfo-agronômicas de variação contínua. Valores em negrito destacam a característica de maior peso no respectivo autovetor.

Características	CP 1	CP 2	CP 3	CP 4	CP 5	CP 6	CP 7	CP 8	CP 9
DC	0,1824	0,2369	0,2815	0,6143	-0,5659	0,2	0,272	0,0978	0,1011
PR	0,3981	-0,1157	0,4204	-0,2958	-0,148	-0,3069	0,0044	-0,5069	0,4368
NC	0,0921	-0,3604	0,6411	-0,2829	0,014	0,3816	0,0045	0,2999	-0,3672
PC	0,4842	0,2497	-0,1483	-0,06	-0,1081	-0,1837	0,0312	-0,2665	-0,7484
CC	0,4839	0,0986	-0,1712	-0,1884	-0,1776	-0,1874	-0,3597	0,6709	0,2127
LC	0,425	0,1817	-0,2561	-0,1762	0,3024	0,6606	0,3077	-0,095	0,2413
SST	-0,1064	-0,4378	-0,407	-0,3423	-0,5831	0,0231	0,4157	0,0221	-0,0189
ATT	-0,301	0,4484	0,028	-0,361	-0,42	0,3669	-0,473	-0,2061	-0,0026
SST/ATT	0,2206	-0,5503	-0,2229	0,3709	-0,0811	0,2824	-0,5517	-0,2653	-0,0126
λ	3,30	1,68	1,44	1,15	0,68	0,30	0,21	0,14	0,10
λ (%) acumulada	36,67	55,34	71,34	84,12	91,69	94,98	97,27	98,86	100

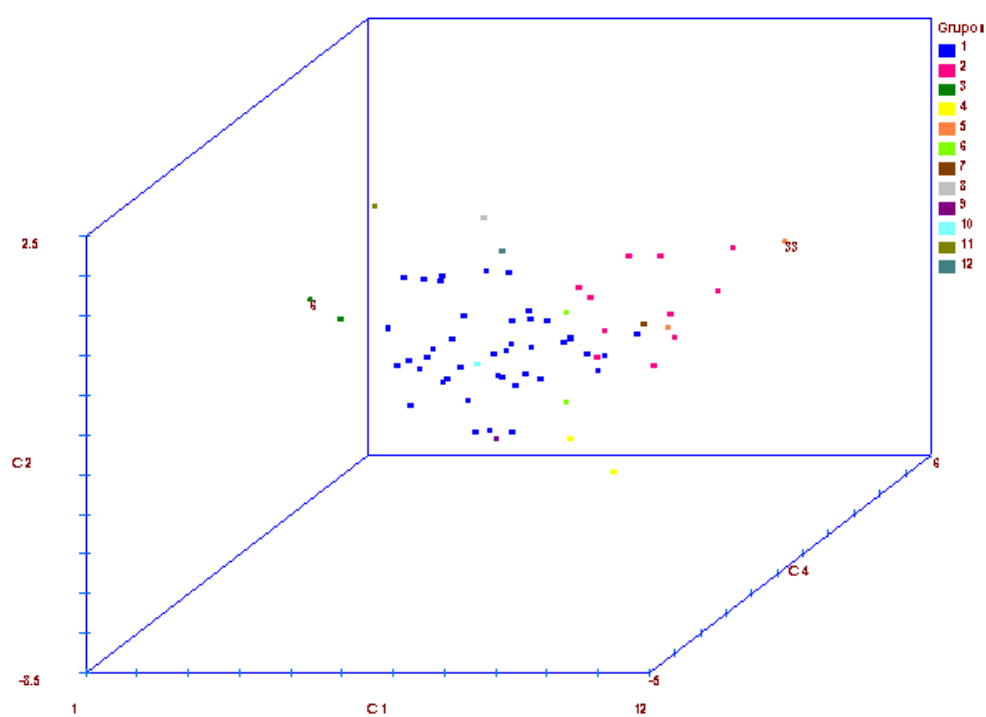
Tabela 10 – Coeficientes de correlação de Pearson entre nove caracteres morfo-agronômicos de variação contínua em 66 acessos de uvas para processamento da coleção de germoplasma de videira da Embrapa Semi-Árido.

Características	DC	PR	NC	PC	CC	LC	SST	ATT
PR	0,19 ^{ns}							
NC	0,03 ^{ns}	0,56**						
PC	0,31*	0,53**	-0,21 ^{ns}					
CC	0,18 ^{ns}	0,57**	-0,12 ^{ns}	0,84**				
LC	0,06 ^{ns}	0,41**	-0,12 ^{ns}	0,76**	0,74**			
SST	-0,2 ^{ns}	0,07 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,26*	0,27*		
ATT	0,005 ^{ns}	-0,34**	-0,20 ^{ns}	-0,29*	-0,33**	-0,36**	-0,07 ^{ns}	
SST/ATT	0,07 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,24*	0,20 ^{ns}	0,07 ^{ns}	-0,68**

(**) e (*) significativos a 1 e 5% de probabilidades, respectivamente, pelo teste t.



(A)



(B)

Figura 5 - Dispersão gráfica de 66 acessos de videira para processamento em relação aos componentes principais 1, 2 e 3 (A) e 1, 2 e 4 (B), estabelecido pela combinação linear de nove caracteres de variação contínua. As cores diferenciam os grupos de acordo com a análise de agrupamento de Tocher.

3.2.2. Caracteres morfo-agronômicos de variáveis multicategóricas

A análise de agrupamento pelo método de otimização de Tocher com base em cinco variáveis multicategóricas resultou na formação de 8 grupos (Tabela 11). Assim como quando se utilizou variáveis contínuas, não houve separação dos cultivares considerando-se aspectos como origem geográfica, genealogia ou aptidão enológica. Quarenta e oito acessos (72,7%) foram concentrados no grupo 1, ao qual pertenceram os principais cultivares produtores de vinhos do Vale do Submédio São Francisco, tais como: 'Cabernet Sauvignon', 'Petite Syrah', 'Chenin Blanc', 'Tannat', 'Ruby Cabernet', entre outros. Embora os grupos formados com base em variáveis multicategóricas tenham diferido daqueles baseados em variáveis quantitativas, observou-se uma coincidência de 69% dos acessos presentes no grupo 1. O grupo 2 foi formado por 5 acessos (7,6%): 'Mars', 'Tampa', 'Bordô', 'Souzão' e 'Riparia do traviu' (*Vitis riparia*). Os grupos 3 e 4 foram compostos por 4 acessos cada (6,06%) e apenas 1 acesso (1,52%) foi incluído nos grupos 6 ('BRS Rubea'), 7 ('BRS Lorena') e 8 ('Romania'). Pode-se observar que o grupo 1 foi composto exclusivamente por cultivares de *Vitis vinifera*, sendo todos os híbridos separados em grupos distintos, sendo três deles no grupo 5 ('Mars', 'Tampa' e 'Bordô'), e os híbridos 'Moscato Embrapa', 'BRS Lorena' e 'BRS Rubea', desenvolvidos pela Embrapa Uva e Vinho, separados respectivamente nos grupos 4, 7 e 8. O agrupamento com base em variáveis morfo-agronômicas multicategóricas permitiu a separação dos acessos da espécie *Vitis vinifera* e híbridos, o que não se observou na avaliação de caracteres de variação contínua. Segundo Martinello et al. (2002), isto ocorre principalmente pelo fato das características qualitativas serem controladas por poucos genes e, portanto, serem pouco afetadas pelo ambiente.

Na Figura 6 pode-se observar a projeção gráfica das distâncias, os cultivares que possuem bagas de cor preta (grupo 1) utilizados para produção de vinhos tintos foram separados nitidamente dos cultivares com bagas verdes (grupo 3) e verde-amareladas (grupo 4), dos quais se produzem vinhos brancos. Foram obtidos uma correlação de 0,83%, entre as distâncias originais e estimadas, significativo a 1% de probabilidade. O grau de distorção de 11,77% e o coeficiente de estresse de 29,5% indicaram que o processo de dispersão das medidas de dissimilaridade no plano foi satisfatório. Segundo Cruz et al. (2004), o ideal é que o grau de distorção e estresse sejam inferiores a 20% para que as medidas de dissimilaridade possam ser bem representadas no plano tridimensional.

3.3. Correlações entre as medidas de dissimilaridade

As correlações entre as medidas de dissimilaridade das variáveis contínuas e multicategóricas são apresentadas na Tabela 12. Embora as correlações tenham sido significativas ($p < 0,01$), os seus valores foram baixos tanto para o conjunto de acessos de uvas de mesa ($r = 0,14852$) quanto para as uvas para processamento ($r = 0,23013$). Estes resultados podem indicar que os caracteres morfo-agronômicos contínuos e multicategóricos apresentam importância distinta.

Tabela 11 – Agrupamento de acordo com o método de otimização de Tocher, de seis variáveis multicategóricas avaliadas em 66 acessos de uvas para processamento (vinho/suco).

Grupos	Acessos																							
1	1	14	17	22	41	53	62	2	5	10	11	12	38	39	40	49	50	58	3	42	43	44		
	45	52	16	20	21	23	24	32	47	4	18	25	46	51	56	64	65	66	9	15	60			
	28	35	36	19	61																			
2	6	29	57	63	55																			
3	13	34	37	59																				
4	26	30	31	33																				
5	27	54																						
6	8																							
7	7																							
8	48																							

Tabela 12 – Coeficientes de correlação e intervalos de confiança do teste de Mantel (1000 simulações) entre as matrizes de dissimilaridade de características morfo-agronômicas de variação contínua e multicategóricas, obtidas pela avaliação de 136 acessos de uvas de mesa (matrizes 1 x 2) e 66 acessos de uvas de vinho (matrizes 3 X 4).

Matrizes	Coef. de correlação (r)	Teste de Mantel – Níveis críticos	
		5%	1%
1 X 2	0,14852**	0,0934 - 0,13225	0,09025 - 0,14452
3 X 4	0,23013**	0,15289 - 0,20661	0,14523 - 0,22044

** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t

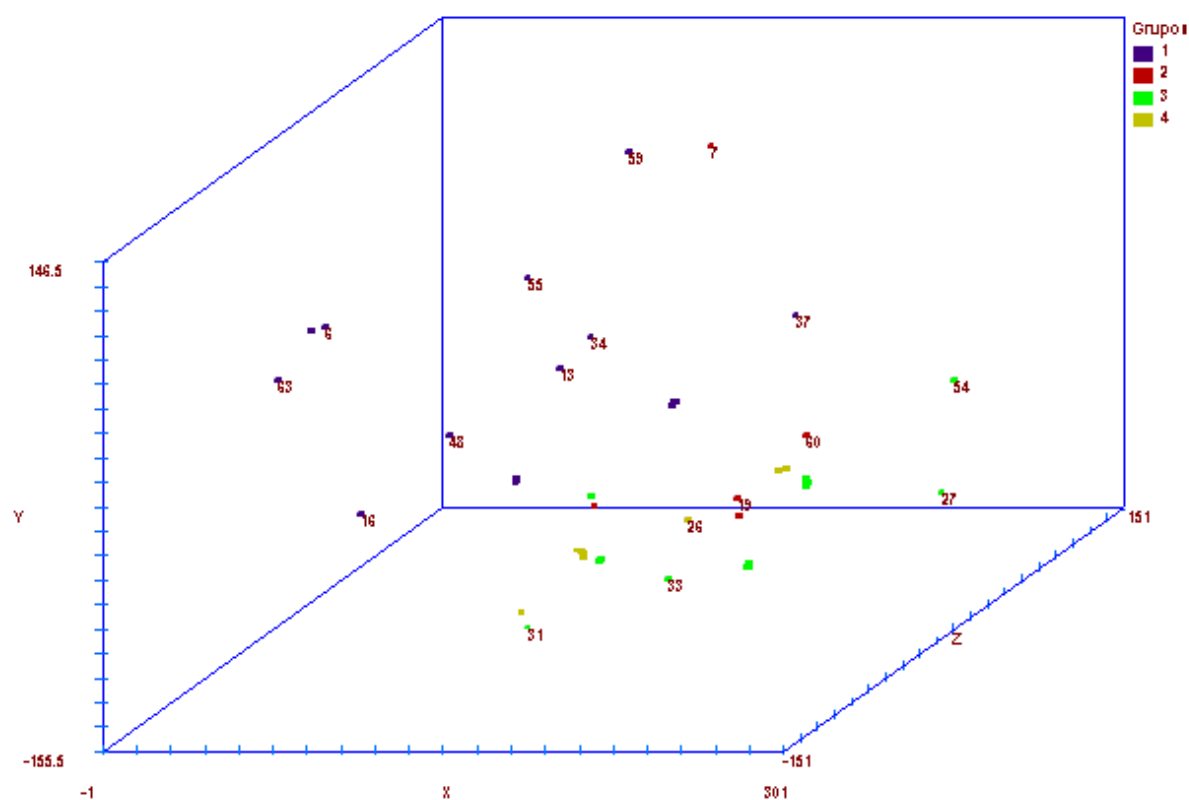


Figura 6 – Projeção gráfica das distâncias de 66 acessos de uvas para processamento, estimadas a partir de cinco caracteres morfo-agronômicos multicategóricos, utilizando como variável classificatória a cor das bagas: cor preta (grupo 1), vermelha (grupo 2), verde (grupo 3) e verde amarelada (grupo 4).

4. CONCLUSÕES

Diante dos resultados obtidos, pode-se concluir que:

1. As técnicas multivariadas para estudo de diversidade genética aplicadas aos caracteres de variação contínua (método de otimização de Tocher e componentes principais) foram concordantes entre si. Entretanto, não houve concordância entre a formação dos grupos utilizando variáveis contínuas e multicategóricas.
2. Existe variabilidade satisfatória entre os acessos de uvas de mesa, entretanto, esta variabilidade foi inferior entre os acessos de uvas para processamento. Um maior número de características deveriam ser avaliadas para discriminar os acessos de uvas de vinho.
3. A análise de componentes principais e correlações evidenciaram que a característica 'peso de bagas' pode ser dispensada em futuros trabalhos de avaliação morfo-agronômica de acessos de uvas de mesa, entretanto nenhuma característica deverá ser descartada na avaliação dos acessos de uvas para processamento.
4. A análise de agrupamento baseado em caracteres morfo-agronômicos resultou na separação dos acessos de acordo com características comuns como peso de bagas e produção (variáveis contínuas), consistência da polpa e presença de sementes (variáveis multicategóricas), mas não foi eficiente em agrupar genótipos idênticos ou sinonímias.
5. Os resultados obtidos pelas análises de agrupamento e diversidade aliado ao comportamento agronômico dos acessos, permitiram a recomendação de cruzamentos e fornecem importantes informações para subsidiar o programa de melhoramento genético de videira da Embrapa Semi-Árido.

CAPÍTULO 2

SELEÇÃO DE GENITORES DE UVAS DE MESA COM BASE EM CARACTERES MOLECULARES DO TIPO RAPD E MICROSATÉLITES

1. INTRODUÇÃO

A viabilidade da utilização da divergência genética como critério de seleção de genitores para cruzamentos foi demonstrado em diversas espécies, entre elas, a videira (Silva, 2006; Oliveira et al., 2005; Costa, 2004).

Os marcadores moleculares baseados em DNA têm sido aliados à ampelografia em estudos de caracterização, diversidade e identificação de cultivares de videira.

Embora a principal restrição à utilização de marcadores RAPD seja à sua baixa reprodutibilidade, inúmeros trabalhos foram publicados em videira demonstrando a eficiência desta técnica (This et al. 1997; Stavrakakis et al., 1997; Goto-Yamamoto et al., 1998; Stavrakakis e Biniari, 1998; Vidal et al., 1999; Fanizza et al., 2000; Luo e He, 2001; Schneider et al., 2001; Tamhankar et al., 2001; Zoghalmi et al., 2001; Borrego et al., 2002; Herrera et al., 2002; Ulanovsky et al., 2002; Pinto-Carnide et al., 2003; Kocsis et al., 2005).

No Brasil, Maia (2003) utilizou marcadores RAPD para diferenciar os principais cultivares de uvas de mesa do país: 'Itália', 'Rubi', 'Benitaka' e 'Brasil'. A identificação de parentais e híbridos entre *V. vinifera* L. e *V. rotundifolia* foi possível utilizando-se isoenzimas e RAPD. O marcador RAPD apresentou polimorfismo que permitiu a distinção entre todos os cultivares, observando-se ainda a concordância entre os dendogramas obtidos pelos dois métodos (Sawazaki et al., 1996). Oitenta *primers* RAPD não foram suficientes para distinguir os cultivares Redimeirie e Itália, confirmando que o primeiro, até então de origem desconhecida é também uma mutação somática natural de 'Itália', assim como 'Rubi', 'Benitaka' e 'Brasil' (Pires et al., 2001). A diversidade presente na coleção de germoplasma de videira da Universidade Estadual Norte Fluminense (UENF) foi acessada por meio de marcadores moleculares RAPD (Costa, 2004; Silva, 2006). Segundo Costa (2004), estes marcadores se mostraram eficientes para distinguir as espécies *Vitis rotundifolia* e *Vitis vinifera*, ocorrendo ainda a separação de porta-enxertos, híbridos e cultivares em grupos distintos.

A disponibilidade de um grande número de marcadores microsatélites para a videira disseminou a sua utilização, sendo atualmente os marcadores mais utilizados para os mais diferentes objetivos: identificação e *fingerprinting* de cultivares, estudo de relações genéticas e parentesco e mapeamento genético. O desenvolvimento de um conjunto de alelos microsatélite de referência para identificação de cultivares foi proposto mediante a utilização de seis locos microsatélites e 13 cultivares (This et al., 2004). Este conjunto de seis locos microsatélites: VVMD5, VVMD7 (Bowers et al., 1996); VVMD27 (Bowers et al., 1999); VrZag62, VrZag79 (Sefc, et al., 1999) e VVS2 (Thomas e Scott, 1993) são utilizados pelo

projeto europeu GENRE#081 para caracterização molecular de coleções de germoplasma de videira e recomendados ainda pelo *Office de la Vigne et du Vin* para elaboração de uma base de dados única contendo os alelos de todos os cultivares conhecidos de videira. Uma das principais vantagens dos marcadores microsátélites sobre RAPD é o fato de poderem ser representados pelo tamanho dos seus alelos em pares de base, tornando-o um marcador robusto, cujos dados podem ser comparados entre laboratórios e formatados em bases de dados (Sefc et al., 2001; Karp, 2002).

Este trabalho teve como objetivo principal, estudar a diversidade genética existente em um conjunto de quarenta e sete acessos de uvas de mesa que fazem parte da Coleção de Germoplasma de Videira da Embrapa Semi-Árido, utilizando marcadores moleculares RAPD e microsátélites. Os objetivos específicos foram:

- 1) Estimar as distâncias genéticas a fim de selecionar genitores com maior potencial heterótico visando à orientação de cruzamentos;
- 2) Estudar as relações genéticas e de parentesco entre os acessos;
- 3) Comparar os diferentes métodos de estatística multivariada e os marcadores moleculares RAPD e microsátélites quanto à sua capacidade de separar corretamente os genótipos e a viabilidade de utilização de cada técnica.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material Vegetal

Foram avaliados 47 cultivares de uvas de mesa oriundos da Coleção de Germoplasma de Videira da Embrapa Semi-Árido, em Juazeiro, Bahia (Tabela 1). Os cultivares foram selecionados por apresentarem características agrônômicas desejáveis e potencial para utilização como genitores em um programa de melhoramento genético de uvas de mesa.

Tabela 1 – Cultivares de uvas de mesa analisadas no presente trabalho.

Número	Cultivares	Número	Cultivares
1	Branca Salitre	25	Estevão Marinho
2	Dattier de Beiroth	26	Itália melhorada
3	Beni Fugi	27	Blush Seedless
4	Beauty Seedless	28	Piratininga
5	Seyve Villard 20365	29	Brasil
6	Marroo Seedless	30	Crimson Seedless
7	BRS Linda	31	Dawn Seedless
8	Red Globe	32	Thompson Seedless
9	Moscatel de Alexandria	33	Princess
10	Cardinal	34	Moscatel de Hamburgo
11	Feal	35	Ferlongo
12	A 1581	36	Benitaka
13	Centennial Seedless	37	Christmas Rose
14	Perlette	38	A Dona
15	Canner	39	Moscatel Nazareno
16	Ruby Seedless	40	BRS Morena
17	Flame Seedless	41	BRS Clara
18	Vênus	42	Juliana
19	Fiesta	43	Seyve Villard 12375
20	July Muscat	44	Lakemont Seedless
21	Kyoho	45	Dona maria
22	A 1105	46	Niagara Rosada
23	A 1118	47	Isabel Precoce
24	Patrícia		

2.2. Extração do DNA genômico

Foram coletadas folhas jovens completamente expandidas da porção apical dos brotos. O DNA genômico foi extraído utilizando-se o protocolo CTAB proposto por Lodhi et al. (1994) com algumas modificações. Os precipitados foram ressuspensos em 100µl de solução Tris EDTA (10 mM Tris-HCL, 1 mM EDTA, pH 8,0) e armazenados à -20°C. A

qualidade do DNA foi avaliada em gel de agarose 0,8% (p/v) corado com solução de brometo de etídeo (10mg/ml).

A extração de DNA e as análises moleculares com marcadores RAPD foram realizadas no laboratório de genética da Embrapa Semi-Árido, enquanto as análises moleculares com microsatélites foram efetuadas no laboratório de genética e melhoramento de videira da Universidade da Califórnia em Davis, Estados Unidos.

2.3. Condições de amplificação

2.3.1. Marcadores RAPD

Foram avaliados preliminarmente uma seqüência aleatória de 140 *primers* das séries 'Operon Technologies' (A, AA, BA, C, D, E e F) em seis cultivares de videira, selecionando-se vinte *primers* que apresentaram boas condições de amplificação e polimorfismo.

Utilizou-se um volume final de 12,5 µl de reação composta de aproximadamente 10 ng/µl de DNA; 1,25 µl de tampão 10X (Invitrogen); MgCl₂ 25 mM (Invitrogen); 2,5 mM de cada um dos desoxinucleotídeos; *primer* 4 µM; BSA (*bovine serum albumine*) 10mg/ml e 1U de *Taq* DNA polimerase (Invitrogen).

As reações de PCR foram conduzidas em um termociclador PTC-100 (MJ Researcher) cujo programa de ciclagem foi padronizado para todos os *primers* e apresentou as seguintes etapas: dois ciclos de 1 minuto à 94°C, 30 segundos à 35 °C e 1 minuto à 72°C, seguido por 40 ciclos de 15 segundos à 94°C, 30 segundos à 35 °C e 1 minuto à 72 °C, e uma etapa final de extensão de 7 minutos à 72 °C.

Foram adicionados 5 µl de azul de bromofenol aos produtos dos PCRs transferindo-se uma alíquota de 10 µl para o gel de agarose. Os géis de agarose 1,5% foram corados com brometo de etídeo (10mg/mL). Um padrão de DNA ladder de 1 Kb (Fermentas) foi carregado nas extremidades do gel. A eletroforese foi conduzida à 100V por 3 horas, e posteriormente os fragmentos de DNA foram visualizados utilizando-se transiluminador de luz ultra-violeta e fotodocumentado por meio do sistema digital Olympus (Figura 1).

2.3.2. Marcadores microsatélites

Foram utilizados sete marcadores microsatélites: VVS2 (Thomas e Scott, 1993), VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVMD31 (Bowers et al. 1996; Bowers et al. 1999), VrZAG79 e VrZAG62 (Sefc et al. 1999). As seqüências dos *primers* são apresentadas na Tabela 2. Um dos *primers* de cada par foi marcado na extremidade 5' com um dos seguintes tampões fluorescentes: 6-FAM, HEX e NED.

A amplificação foi realizada individualmente para cada par de *primers* em uma reação de volume final de 10 µL consistindo de 2,5 ng/µL de DNA; 10 pmoles de cada *primer*; 2,5 mM de cada um dos desoxinucleotídeos (Applied Biosystem); 1 µL de tampão Gold 10X (Applied Biosystem); MgCl₂ 25 mM (Applied Biosystem) e 0,5U de AmpliTaq Gold DNA polimerase. As reações de PCR foram conduzidas em um termociclador PTC-100 (MJ Researcher) cujo programa de ciclagem para todos os *primers* consistiu nas seguintes etapas: 5 minutos à 95°C, seguido por 35 ciclos de 30 segundos à 95°C, 45 segundos à 60°C, 1 minuto à 72°C e uma etapa de extensão final de 7 minutos à 72°C.

Para confirmar as amplificações, utilizou-se uma alíquota de 4 µL do produto de PCR para eletroforese em gel de agarose 2% corado com brometo de etídeo (10 mg/mL).

Alíquotas de 1,7 µL do produto de PCR foram misturados à 0,7 µL de formamida, 0,4 µL do tampão e 0,2 µL de DNA padrão (Genescan-500 ROX, Applied Biosystems). As amostras foram desnaturadas à 94°C por 2 minutos e aplicadas em um seqüenciador de DNA modelo ABI 377 (PE/Applied Biosystems). Quatro cultivares de videira (Carignane, Riesling, Thompson Seedless e Chardonnay) cujos perfis alélicos já são conhecidos foram utilizados como padrão e aplicados no mesmo gel de acrilamida.

2.4. Análises estatísticas

Os dados foram obtidos pela avaliação visual das bandas RAPD mais evidentes e consistentes nos 47 acessos. Foram atribuídos valores de '0' e '1' para presença e ausência, respectivamente, da banda polimórfica.

A partir dos dados binários, estimaram-se as distâncias entre os pares de indivíduos pelo índice de dissimilaridade de Jaccard:

$$d_{ii'} = 1 - S_{ii'}$$

em que: $d_{ii'}$ = distância genética entre os acessos i e i' ; $S_{ii'}$ = índice de similaridade do coeficiente de Jaccard, sendo:

$$S_{ii'} = \frac{a}{a + b + c}$$

Em que: a = número de bandas presentes nos dois acessos; b = número de bandas presentes no acesso i e ausentes no acesso i' ; c = número de bandas presente no acesso i' e ausentes no acesso i .

As bandas de marcadores microsatélites foram detectadas utilizando-se o *software* GeneScan™ versão 3.1 e os alelos foram identificados pela análise dos fragmentos obtidos por meio do *software* Genotyper™ versão 2.5.2. (PE/Applied Biosystems). Para cada alelo

foi atribuído um código de dois dígitos. As distâncias entre os pares de indivíduos foram estimadas pelo complemento aritmético do índice ponderado:

$$D_{ii'} = 1 - \frac{1}{2} \sum_{j=1}^L p_j c_j$$

Em que: L = número total de locos; c_j : número de alelos comuns entre os pares de acessos i e i'.

$$p_j = \frac{a_j}{A}$$

Em que: a_j : número total de alelos do loco j; A: número total de alelos.

As análises estatísticas foram realizadas no programa computacional Genes (Cruz, 2006), desenvolvido no laboratório de Bioinformática/Bioagro da Universidade Federal de Viçosa. A matriz de dissimilaridade obtida foi utilizada na obtenção do agrupamento dos acessos pelos métodos de otimização de Tocher, projeção das distâncias e método hierárquico das médias aritméticas das medidas de dissimilaridade (UPGMA).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os vinte *primers* utilizados apresentaram elevado polimorfismo, produzindo um total de 111 marcas polimórficas, nítidas e estáveis, que correspondeu a 81,6% do total de bandas amplificadas. O polimorfismo encontrado foi superior àquele observado em trabalhos prévios com videira (Borrego et al., 2002; Ulanovsky et al., 2002; Luo e He, 2001; Navaéz et al., 2000). Segundo Tamhankar et al. (2001), os níveis de polimorfismo variam de acordo com as espécies analisadas, eles obtiveram 94% de polimorfismo para espécies silvestres e porta-enxertos de videira, mais de 90% ao analisarem genótipos de *Vitis vinifera*, entretanto, quase todas as bandas foram monomórficas entre os cultivares de *Vitis labrusca*. Luo e He (2001) mencionam que os resultados obtidos pela análise de marcadores RAPD são *primer* e amostra-dependentes. Segundo Fanizza et al. (1999), para a obtenção de estimativas precisas de relações genéticas em *Vitis vinifera* são necessárias de 100 a 150 bandas RAPD, pois neste intervalo os agrupamentos no dendograma são estabilizados. O número de bandas polimórficas neste trabalho está, portanto, dentro da faixa recomendada e de acordo com os resultados obtidos por outros autores (Kocsis et al., 2005; Pinto-Carnide et al., 2003; Narvaéz et al., 2000; Stavrakakis e Biniari; 1998).

A média de bandas polimórficas amplificadas por *primer* foi 5,5, com um tamanho que variou de 380 à 3000 pb. A Figura 1 ilustra o perfil de bandas obtidas pela amplificação do *primer* OPA10 em 19 acessos de uvas de mesa. Este *primer* produziu oito bandas polimórficas claras e fáceis de identificar. O maior número de bandas polimórficas foi dez, produzido pelo *primer* OPE1.

Os parâmetros genéticos obtidos dos sete locos microsatélites analisados são apresentados na Tabela 2. Foram amplificados um total de 75 alelos, variando de 9 no loco VVMD5 até 13, no loco VVS2, obtendo-se uma média de 10,7 alelos por loco. Observou-se a presença de 48,7% de alelos raros, com frequência inferior a 5%. Os alelos mais frequentes por loco foram VVMD5-236 (27,3%), VVMD7-239 (29%), VVMD27-194 (26,6%), VVMD31-212 (42,3%), VVS2-135 (22,6%), VrZAG79-255 (24,4%) e VrZAG62-189 (38,3%). A heterozigosidade variou de 74,7% no loco VVMD31 a 84,7% no loco VrZAG79, o qual apresentou também o maior valor para conteúdo de informação polimórfica-PIC (83,0%).

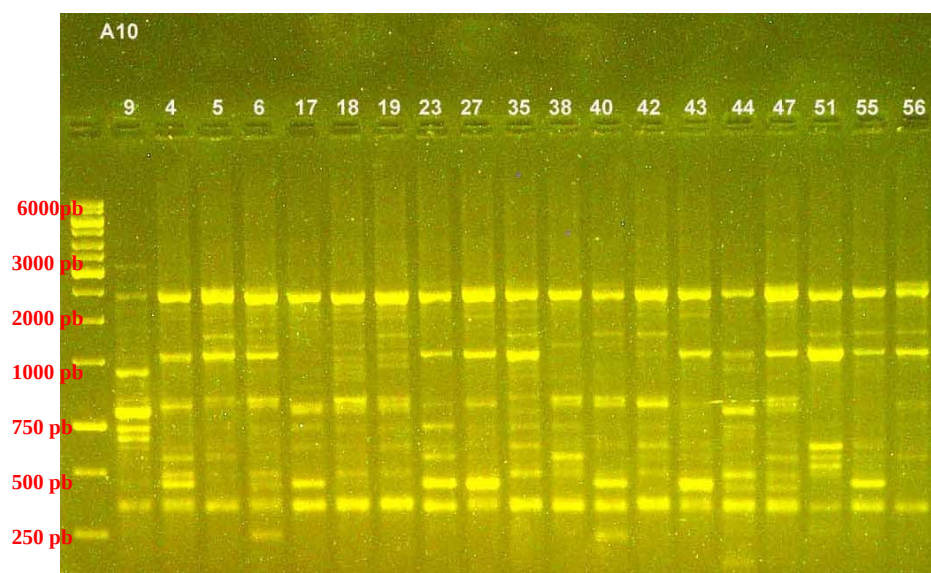


Figura 1 – Visualização do gel de agarose para o *primer* OPA10, linha 1 foi aplicado DNA ladder 1 Kb, linhas 2 a 20 são os acessos de videira.

Tabela 2 – Características genéticas de 7 locos microsatélites analisados em 47 cultivares de uvas de mesa.

Loco	Número de alelos	Tamanho de alelos (pb)	He ¹ (%)	PIC ² (%)	F _{máxima} (%) ³
VVS2	13	123-157	84,1	82,2	21,2
VVMD5	9	226-264	81,2	78,8	27,6
VVMD7	11	231-253	84,0	82,2	27,6
VVMD27	11	177-199	80,7	78,0	26,6
VVMD31	10	196-224	74,7	71,8	42,5
VrZAG62	11	181-207	78,1	75,9	39,3
VrZAG79	11	237-265	84,7	83,0	29,4

¹Heterozigosidade; ²Conteúdo de Informação Polimórfica; ³Frequência máxima do alelo.

Os valores de distância genética com base no complemento aritmético do índice de Jaccard variaram de 0,25 entre os clones intravarietais ‘Itália melhorada’ e ‘Brasil’, que se destacaram como os acessos mais relacionados geneticamente, e 0,68 entre o par de acessos ‘Piratinga’ e ‘Niágara Rosada’, que foram os mais divergentes. Por sua vez, para os dados moleculares de microsatélites, a medida de dissimilaridade utilizada foi o complemento aritmético do índice ponderado, obtendo-se uma variação de medidas de distâncias de 0 a 1, onde 0 representou à coincidência de todos os alelos, ou seja, o par de acessos correspondem a um genótipo único e 1, significando que o par de acessos considerado não compartilhou nenhum alelo, e portanto, apresentaram distância genética máxima.

As bandas polimórficas RAPD permitiram diferenciar todos os cultivares estudados. Por outro lado, os resultados com base em 7 marcadores moleculares microsatélites demonstraram a coincidência dos perfis alélicos em três pares de acessos, 'Thompson Seedless' e 'Canner', 'A1581' e 'A1105' e 'Centennial Seedless' e 'Dawn Seedless', evidenciando que um maior número de marcadores microsatélites é necessário para discriminar os genótipos.

Os resultados obtidos pela análise de agrupamento foram diferentes considerando-se os dois tipos de marcadores moleculares utilizados, o que está de acordo com Merdinoglu et al. (2000) que mencionam que embora os marcadores RAPD, SSR e AFLP tenham sido capazes de diferenciar sete grupos de cultivares de videira, a topologia dos dendogramas obtidos foi única, e os marcadores SSR refletiram melhor as relações genéticas entre os grupos e sua origem geográfica. Segundo Pinto-Carnide et al. (2003), ambos os tipos de marcadores moleculares foram capazes de identificar cultivares de videiras portuguesas, mas os resultados de microsatélites apresentam a vantagem de poderem ser comparados entre diferentes laboratórios.

Quando foi utilizado RAPD, o método de Tocher distribuiu os 47 cultivares de uvas de mesa em 15 grupos, conforme pode ser observado na Tabela 3. O grupo 1 concentrou 54,2% dos cultivares, e foi dividido em 10 subgrupos. O grupo 2 foi formado por quatro cultivares (8,3%): 'Centennial Seedless', 'Perlette', 'Feal', e 'Piratininga'. O grupo 3 foi composto por três cultivares (6,3%): 'Vênus', 'Blush Seedless' e 'Cardinal'. O grupo 4 merece destaque porque reuniu os cultivares 'Niagara Rosada' e 'Isabel Precoce', que constituem os únicos representantes da espécie americana *Vitis labrusca* L., demonstrando que os marcadores RAPD foram eficientes na separação das espécies *Vitis vinifera* L. e *Vitis labrusca* L. O grupo 5 foi composto pelos cultivares Beauty Seedless e July Muscat, enquanto apenas um cultivar foi incluído nos demais grupos. 'Itália melhorada', 'Brasil' e 'Benitaka', foram incluídos no subgrupo 1-1, eles são muito similares geneticamente, obtendo-se distâncias genéticas de 0,26 entre 'Itália melhorada' e 'Brasil'; 0,32 entre 'Itália melhorada' e 'Benitaka', e, 0,35 entre 'Benitaka' e 'Brasil'. Estes resultados já eram esperados, uma vez que constituem clones intravarietais do cultivar Itália, e estão de acordo com os resultados obtidos por Maia (2003) que também observaram polimorfismo molecular entre os cultivares Itália, Rubi, Benitaka e Brasil procedentes da região Noroeste do Estado do Paraná, quando analisados por meio de marcadores RAPD. No Brasil, outros trabalhos também encontraram a menor distância genética entre os cultivares Itália e seu mutante somático Rubi (Sawazaki et al., 1996; Costa, 2004; Silva 2006).

A análise de agrupamento pelo método de Tocher com base em marcadores microsatélites resultou na formação de seis grupos, sendo que, 76,6% dos acessos foram

incluídos no grupo 1 (Tabela 3). Este grupo foi então dividido em 11 subgrupos, permitindo uma melhor compreensão das relações genéticas entre os acessos. O grupo 2 foi formado pelos híbridos franceses Seyve Villard 12375 e Seyve Villard 20365. Os grupos 3 e 4 foram compostos por três acessos: 'Brasil', 'Patrícia' e 'Isabel Precoce' no grupo 3, e, 'Dattier de Beiroth', 'Feal' e 'Princess' no grupo 4. O grupo 5 foi formado pelos cultivares Niágara Rosada e Vênus. Enquanto o grupo 6 apresentou um único acesso, a cv. Kyoho. Os marcadores microsatélites foram mais eficientes que RAPD no agrupamento dos genótipos com base em sua genealogia ou procedência. Este fato pode ser observado nos seguintes grupos: subgrupo 1-1 que reuniu três híbridos do programa de melhoramento da Universidade do Arkansas, Estados Unidos; subgrupo 1-2 onde foram incluídos cultivares que possuem 'Thompson seedless' em seu pedigree; subgrupo 1-5, onde os cultivares Crimson Seedless, Ruby Seedless, Marroo Seedless, Christmas Rose e Red Globe possuem o cultivar Emperor em sua genealogia e o grupo 2 composto pelos híbridos franceses Seyve Villard 12375 e Seyve Villard 20365. Por outro lado, ao contrário do agrupamento obtido pelos marcadores RAPD, os cultivares Niágara Rosada e Isabel Precoce da espécie *Vitis labrusca* foram separados em grupos distintos e o cultivar Brasil, clone do cv. Itália, não foi agrupado no subgrupo 1-6 juntamente com os demais clones, Benitaka e Itália melhorada.

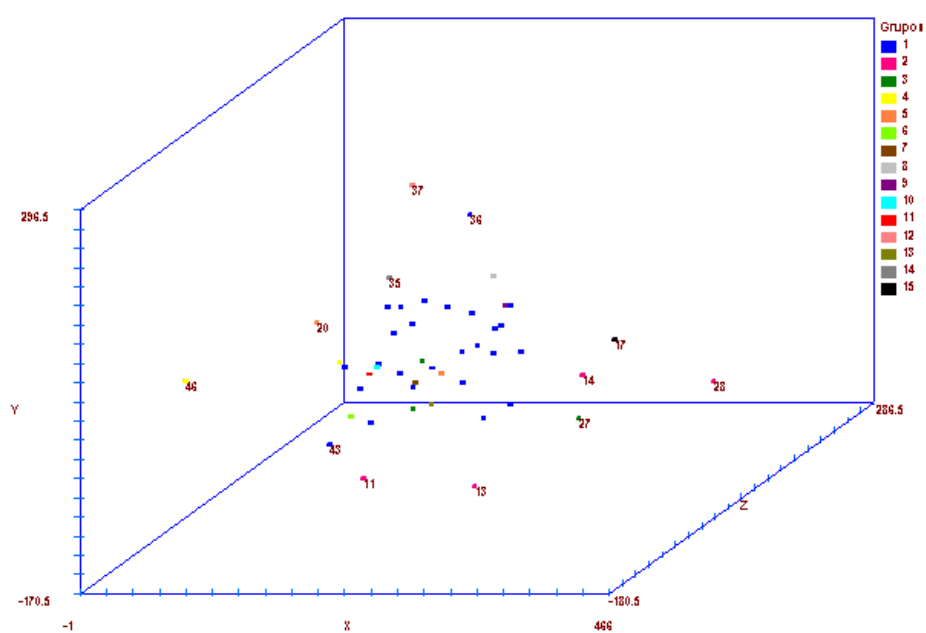
Tabela 3 – Agrupamento de acordo com o método de otimização de Tocher de 47 cultivares de uvas de mesa, com base em 111 marcas moleculares RAPD e 7 marcadores moleculares microsatélites.

RAPD							SSRs						
Grupos	Acessos						Grupos	Acessos					
1-1	26	29	36	34	44	39	1-1	22	12	23			
1-2	12	43					1-2	15	32	27	17	19	44 4
1-3	2	21	1	6	16		1-3	13	31	41	1		
1-4	7	31	24	32			1-4	35	39				
1-5	22	23					1-5	30	7	16	6	37	8
1-6	30	33					1-6	36	26	38			
1-7	8	25					1-7	20	28	3	14	34	
1-8	19						1-8	45	25	9			
1-9	15						1-9	42					
1-10	5						1-10	10					
2	13	14	11	28			1-11	40					
3	18	27	10				2	43	5				
4	46	..47					3	29	24	47			
5	4	20					4	2	11	13			
6	40						5	46	18				
7	3						6	21					
8	38												
9	9												
10	45												
11	41												
12	37												
13	42												
14	35												
15	17												

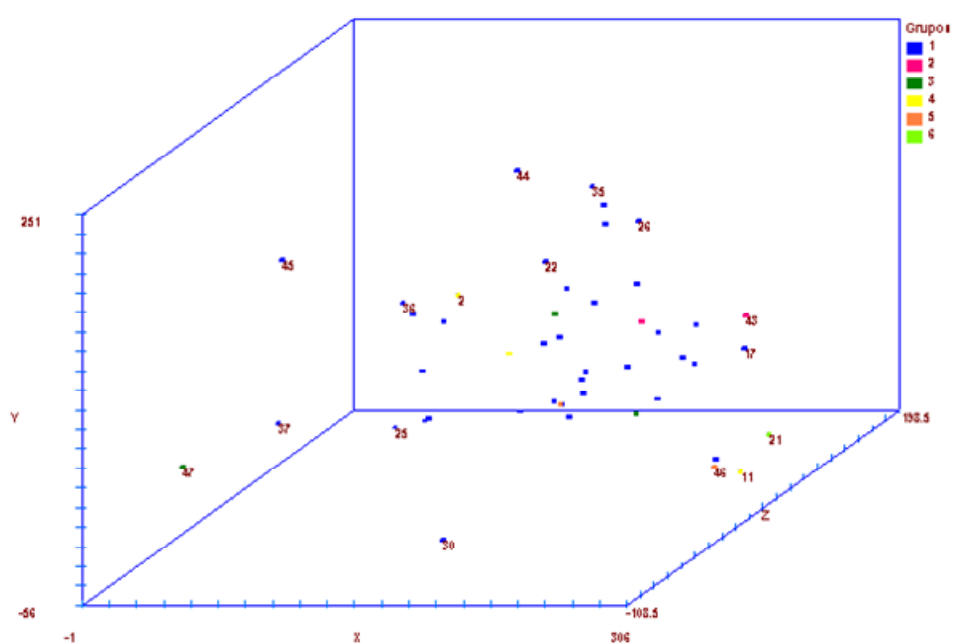
As distâncias originais foram transformadas pela potência para sua projeção no espaço tri-dimensional (Figura 2). Não ficou evidente uma separação nítida entre os grupos obtidos pelo método de Tocher. Quando se considerou os dados moleculares de RAPD, o coeficiente de correlação entre as distâncias originais e estimadas para o espaço tri-dimensional foi de 0,59, enquanto o grau de distorção e o coeficiente de estresse foram, respectivamente, 35,51% e 43,04%. Os valores elevados dos últimos coeficientes implicam a necessidade de cautela na análise dos resultados da Figura 2 (A). Por sua vez, pela projeção das distâncias com base em dados moleculares de microsátélites, obteve-se um bom coeficiente de correlação entre distâncias originais e estimadas para o espaço tri-dimensional de 0,69, grau de distorção de 14,64 e coeficiente de estresse de 30,98. O grau de distorção e o coeficiente de estresse apresentaram valores aceitáveis, demonstrando um bom ajuste das distâncias projetadas no espaço tri-dimensional (Figura 2B).

Como pode ser observado na Figura 3, de acordo com o dendograma obtido pelo método hierárquico UPGMA, com base em marcadores moleculares RAPD, é possível distinguir a formação de 11 grupos quando se considerou uma distância relativa de 86,6% no ponto de delimitação. Houve a formação de um grande grupo constituído por 30 acessos, concentrando 63,8% do total dos acessos analisados. Um segundo grupo foi formado por 6 cultivares: Vênus, Blush Seedless, A1105, A1118, Cardinal e Beni Fugi, apresentando semelhança com o grupo 3 de Tocher em relação aos cultivares Vênus, Blush Seedless e Cardinal. O grupo 3 foi composto pelos cultivares Juliana e Flame Seedless. A espécie *Vitis labrusca*, de modo similar ao que ocorreu pela análise de agrupamento pelo método de Tocher, formou um grupo à parte contendo os cultivares Isabel precoce e Niágara Rosada cuja dissimilaridade foi 0,40. Os cultivares A Dona, BRS Clara, Beauty Seedless, BRS Morena, Christmas Rose, Dona Maria e Piratininga foram, cada um deles separados em grupos distintos, devido a elevada distância genética média que apresentaram em relação aos demais acessos.

Doze subgrupos foram formados a partir do grupo 1 quando se considerou uma distância relativa de 73,6% no ponto de delimitação. As relações de parentesco ficaram evidentes quando se comparou a genealogia e alguns agrupamentos obtidos. O subgrupo 1 reuniu os clones de 'Itália' ('Itália melhorada', 'Brasil' e 'Benitaka') e 'Moscatel Nazareno'. 'Moscatel Nazareno' e 'Itália' possuem 'Muscat de Hamburgo' como parental comum. 'Crimson Seedless' e 'Princess' constituíram um subgrupo, sendo que a primeira é um dos genitores da segunda. 'Red Globe' e 'Ruby Seedless' formaram um subgrupo, ambos são descendentes do cv. Emperor. Entretanto, ao contrário dos resultados obtidos com microsátélites, os cultivares que descendem de Thompson seedless, 'Canner', 'Fiesta', 'Lakemont Seedless' e 'Perlette' foram distribuídos em subgrupos distintos.



(A)



(B)

Figura 2 - Projeção gráfica das distâncias de 47 cultivares de uvas de mesa, com base nos grupos obtidos pelo método de otimização de Tocher, estimadas a partir de 111 marcas moleculares RAPD (A) e 7 marcas moleculares microsatélites (B).

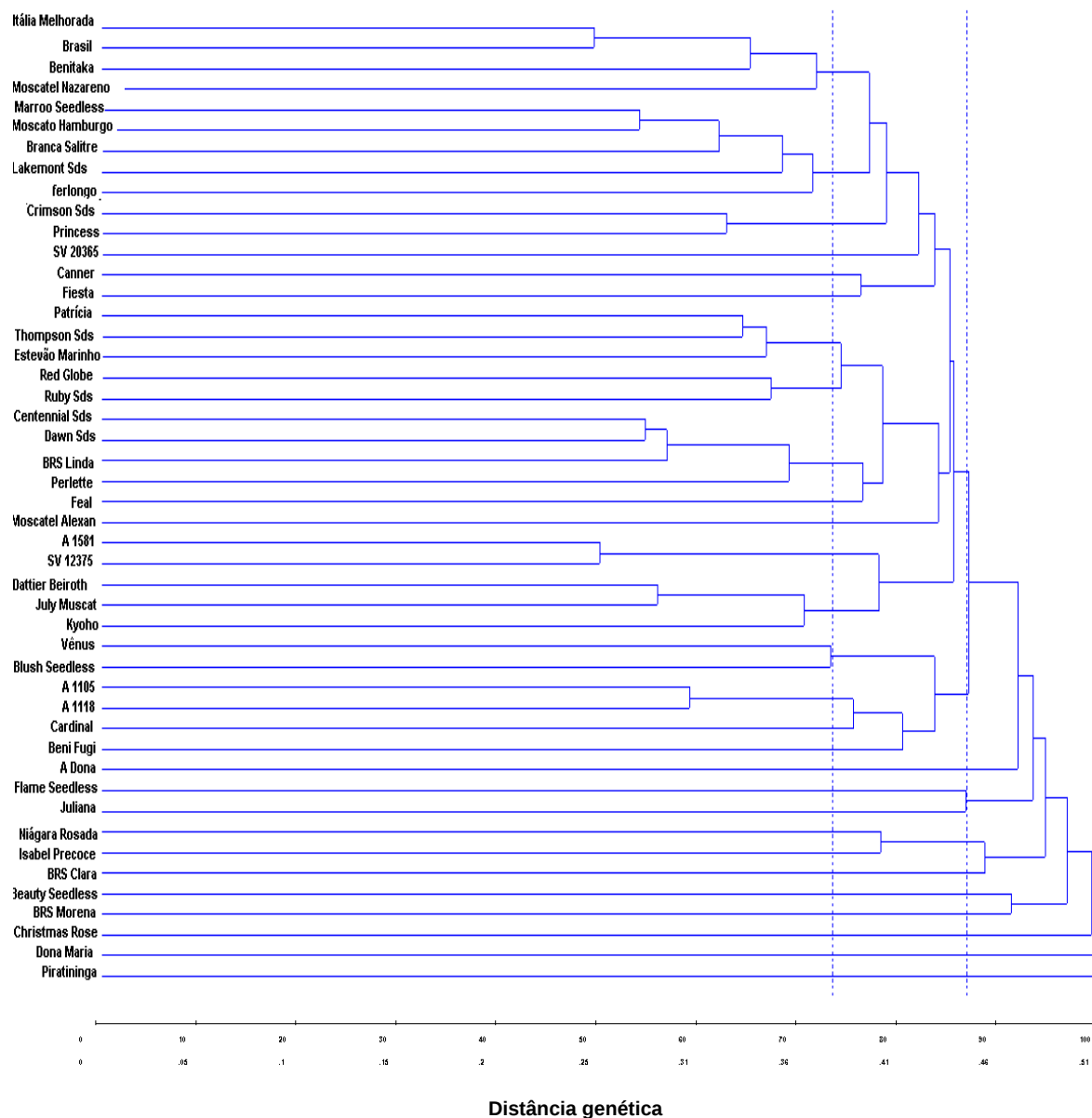


Figura 3 – Dendrograma representativo do agrupamento de 47 cultivares de uvas de mesa pelo método hierárquico UPGMA, utilizando o índice de dissimilaridade de Jaccard, a partir de 111 marcas moleculares RAPD.

O dendograma obtido a partir da matriz de dissimilaridade dos dados moleculares de microsatélites pode ser observado na Figura 4. Houve a formação de cinco grupos quando se considerou uma distância genética de 84% no ponto de delimitação. O grupo 1 foi caracterizado como um grande grupo contendo 38 acessos ou 80,8% do total dos acessos analisados. O grupo 2 apresentou a mesma formação do grupo 4 de Tocher, reunindo os cultivares Dattier de Beiroth, Princess e Feal. Estes cultivares não possuem ancestrais comuns em sua genealogia, portanto, eles podem estar indexados de forma incorreta na coleção. Os híbridos franceses Seyve Villard 12375 e Seyve Villard 20365 formaram o grupo 3, coincidindo com o grupo 2 obtido pelo método de Tocher. O grupo 4 foi formado pelos cultivares Niágara Rosada, Isabel Precoce e Vênus.

O método hierárquico UPGMA, ao contrário do observado pelo método de otimização de Tocher, permitiu o agrupamento dos cultivares Niágara Rosada e Isabel precoce, ambos da espécie *Vitis labrusca*. O cv. Vênus, é um híbrido interespecífico da Universidade do Arkansas, que possui também *Vitis labrusca* em seu *background* genético. O cv. Kyoho, cuja distância média foi a mais elevada entre todos os acessos ($d = 0,897$) ficou isolado no grupo 5.

Ao se realizar um corte no dendograma a uma distância relativa de 66,76%, o grande grupo 1 foi dividido em 9 subgrupos. O subgrupo 1-1 coincidiu com o subgrupo 1-2 de Tocher, sendo composto pelos cultivares descendentes de 'Thompson Seedless', com exceção de 'Blush Seedless' que uma vez que não apresentou relação de parentesco com os demais cultivares deste grupo, não deveria possuir alelos em comum, o que evidencia a ocorrência de um possível erro de denominação ou na genotipagem deste acesso. O subgrupo 1-2 correspondeu ao subgrupo 1-1 de Tocher que incluiu as seleções desenvolvidas pela Universidade do Arkansas (A1105, A1581 e A1118). O subgrupo 1-3 foi similar ao subgrupo 1-5 obtido pelo método de Tocher, formado pelos cultivares que possuem 'Emperor' como ancestral comum em sua genealogia, com exceção de 'BRS Linda' que não possui parentais comuns com os demais cultivares deste grupo. O subgrupo 1-4 formado pelos cultivares Dona Maria, Moscato de Alexandria e Estevão Marinho foi o mesmo subgrupo 1-8 de Tocher, observando-se que 'Moscato de Alexandria' é um dos genitores do cultivar de origem portuguesa Dona Maria. O subgrupo 1-5 composto pelos cultivares Centennial Seedless, Dawn Seedless, BRS Clara, Branca Salitre, A Dona e BRS Morena diferiu do subgrupo 1-3 de Tocher devido a inclusão dos cultivares A Dona e BRS Morena.

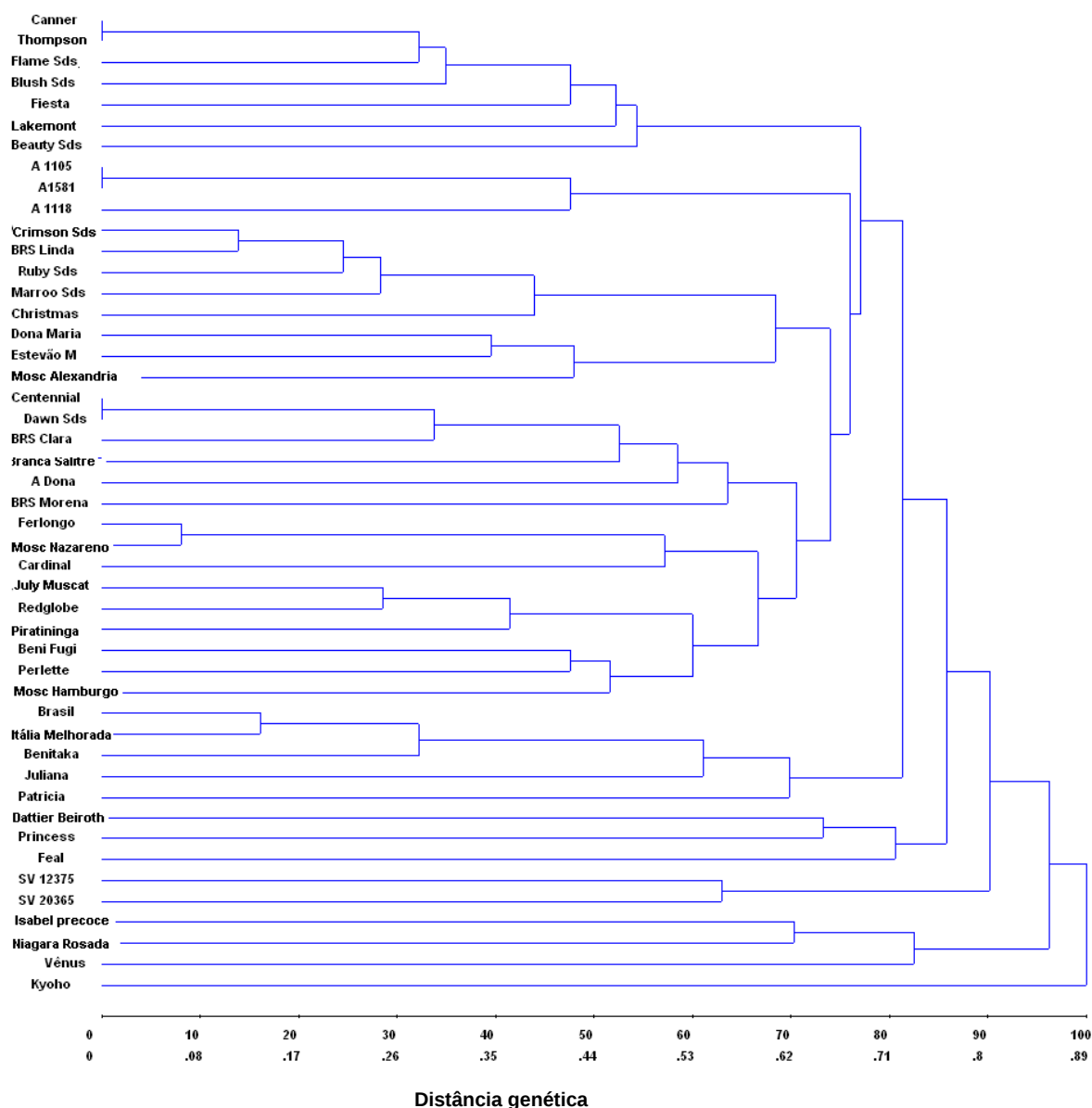


Figura 4 – Dendrograma representativo do agrupamento de 47 cultivares de uvas de mesa pelo método hierárquico UPGMA, utilizando o complemento aritmético do índice ponderado a partir de 7 marcadores microsatélites.

Entretanto, se a distância no ponto de corte do dendograma fosse 56,15%, os dois últimos cultivares seriam separados em subgrupos distintos, ocorrendo a coincidência completa entre os subgrupos obtidos pelos dois métodos. 'Ferlongo' e 'Cardinal', que possuem 'Alphonse Lavalle' como parentais em comum, foram incluídos no subgrupo 1-6 juntamente com 'Moscatel Nazareno'. O subgrupo 1-7 reuniu seis cultivares: 'July Muscat', 'Red Globe', 'Piratinanga', 'Beni Fugi', 'Perlette' e 'Muscat de Hamburgo' e foi semelhante ao subgrupo 1-5 de Tocher. Neste subgrupo, 'July Muscat', 'Piratinanga' e 'Beni Fugi' possuem 'Muscat de Hamburgo' em seu *background* genético. O subgrupo 1-8 foi formado pelos clones intravarietais do cv. Itália, 'Brasil', 'Itália Melhorada' e 'Benitaka', como também, pelo cv. Juliana que possui 50% de alelos comuns com 'Itália melhorada' ($d = 0,5$), visto que este é um de seus genitores. O cultivar Patrícia, desenvolvido pelo Instituto Agrônomo de Campinas, ficou separado no subgrupo 9. Os métodos de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA apresentaram grande concordância na formação dos grupos, entretanto, quando se utilizou UPGMA observou-se uma maior coerência entre a formação dos grupos e a genealogia dos cultivares. Os marcadores moleculares microsátélites foram mais eficientes que RAPD para o estudo das relações de parentesco.

As matrizes de dissimilaridade obtidas a partir dos dados binários de RAPD e da frequência alélica dos locos de microsátélites foram distintas, portanto, não houve concordância para os acessos mais e menos divergentes entre os dois tipos de marcadores utilizados. Considerando-se que as relações de parentesco entre os acessos foram mais bem visualizadas por meio dos marcadores microsátélites, as distâncias genéticas calculadas a partir dos dados microsátélites foram utilizadas para estabelecer cinco acessos mais divergentes em relação a dez cultivares (Tabela 5). O conhecimento dos acessos mais divergentes é fundamental para orientar o melhorista na escolha das melhores combinações híbridas. Entretanto, na escolha dos genitores, deve-se considerar, além da divergência genética, as características agrônomicas dos genótipos, bem como, os objetivos do programa de melhoramento. Em um programa de melhoramento de uvas de mesa, os genitores para os cruzamentos visando à seleção de segregantes para o caráter apirenia, poderão ser escolhidos de acordo com os resultados apresentados na Tabela 5.

Tendo em vista o desenvolvimento de novos cultivares de uvas sem sementes, a estratégia adotada têm sido o cruzamento entre dois cultivares sem sementes e a utilização do resgate de embriões, podendo-se aumentar para 50 a 80% a frequência do caráter apirenia nas progênes (Lahogue et al., 1998). Sendo assim, os cruzamentos recomendados poderiam ser entre 'Vênus' e os cultivares A Dona, BRS Clara, Crimson Seedless, Marroo Seedless, Perlette, Princess e Thompson Seedless, utilizando-se a técnica de resgate de embriões. O cultivar Vênus, desenvolvido pela Universidade do Arkansas foi introduzido no Banco de Germoplasma da Embrapa Uva e Vinho em 1984, e merece destaque pela sua

precocidade, resistência moderada ao míldio e resistência ao oídio e podridões de cacho (Camargo e Mandelli, 1993). No Vale do Submédio São Francisco, este cultivar destacou-se em uma coleção de 19 cultivares de uvas sem sementes, apresentando plantas medianamente vigorosas e produtivas, diâmetro médio de bagas de 18 mm, alto teor de SST (20°Brix) e elevada relação Brix/Acidez (Leão, 2002). Ainda com o objetivo de incorporar resistência às doenças fúngicas, outras possíveis combinações híbridas seriam utilizar ‘Seyve Villard 12375’, como fonte de resistência ao míldio e oídio, em cruzamentos com os cultivares sem sementes BRS Clara, BRS Linda, BRS Morena, Centennial Seedless, Crimson Seedless e Marroo Seedless. O cultivar Isabel precoce possui moderada resistência ao cancro bacteriano (Nascimento et al., 2006), podendo ser utilizado para a obtenção de híbridos interespecíficos pelo seu cruzamento com BRS Linda, Centennial Seedless, Crimson Seedless, Marroo Seedless, Perlette e Thompson Seedless. O cruzamento ‘Thompson Seedless’ X ‘Isabel precoce’ pode ser ainda uma boa alternativa para obtenção de populações para mapeamento dos genes ligados à apirenia e resistência ao cancro bacteriano.

Tabela 5 – Cinco acessos que apresentaram as maiores medidas de dissimilaridade em relação a dez cultivares de uvas sem sementes, com base no complemento aritmético do índice ponderado para dados moleculares microsatélites.

Cultivares	Acessos mais divergentes
A Dona	Kyoho, Vênus, Princess, Seyve Villard 20365, Feal
BRS Clara	Kyoho, Niágara Rosada, Vênus, Patrícia, Seyve Villard 12375
BRS Linda	Niágara Rosada, Seyve Villard 12375, Isabel Precoce, Kyoho, Feal
BRS Morena	Kyoho, Niagara Rosada, Patrícia, Seyve Villard 12375, Canner
Centennial Seedless	Kyoho, Niagara Rosada, Patrícia, Seyve Villard 12375, Isabel Precoce
Crimson Seedless	Niágara Rosada, Seyve Villard 12375, Vênus, Kyoho, Isabel Precoce
Marroo Seedless	Seyve Villard 12375, Isabel Precoce, Vênus, Niágara Rosada, Ferlongo
Perlette	Kyoho, Isabel Precoce, Princess, Niágara Rosada, Vênus
Princess	Vênus, Niágara Rosada, Beni Fugi, Perlette, Piratininga
Thompson Seedless	Isabel Precoce, Dattier de Beiroth, Niágara Rosada, Patrícia, Vênus

4. CONCLUSÕES

Diante dos resultados obtidos, pode-se concluir que:

1. Os marcadores moleculares RAPD foram suficientes para diferenciar todos os cultivares de uvas de mesa estudados, entretanto, microsátélites foram capazes de discriminar 44 cultivares. A análise dos perfis moleculares de microsátélites demonstrou a coincidência dos perfis alélicos em três pares de acessos: 'Thompson Seedless' e 'Canner', 'A1581' e 'A1105' e 'Centennial Seedless' e 'Dawn Seedless', evidenciando a necessidade de um maior número de marcadores para discriminar os genótipos.
2. Os métodos de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA apresentaram grande concordância na formação dos grupos, entretanto, quando se utilizou UPGMA observou-se uma maior coerência entre a formação dos grupos e a genealogia dos cultivares.
3. Não houve concordância entre as matrizes de dissimilaridade, formação dos grupos pelo método de Tocher e topologia dos dendogramas obtidos pelo método UPGMA, quando foram utilizados dados moleculares RAPD e microsátélites.
4. Os marcadores moleculares microsátélites foram mais eficientes para o estudo das relações de parentesco e uma vez que é possível se obter os alelos em pares de bases, ele permite a comparação de resultados entre diferentes bases de dados, sendo o marcador mais recomendado para estudos de caracterização e diversidade de germoplasma de videira.
5. Os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA, independente do tipo de marcadores utilizados, foram eficientes na separação dos acessos com base em sua genealogia e espécie botânica, evidenciando-se relações de parentesco entre os acessos de um mesmo grupo. Clones intravarietais do cv. Itália foram reunidos no mesmo grupo enquanto 'Niagara Rosada' e 'Isabel Precocce', da espécie *V. labrusca*, foram separados em grupos distintos dos demais híbridos e cultivares de *V. vinifera*.
6. A análise de diversidade baseada em dados moleculares microsátélites aliada às características agronômicas permitiu a recomendação de diversos cruzamentos, destacando-se aqueles entre cultivares de uvas sem sementes, um importante subsídeo no âmbito do programa de melhoramento de videira da Embrapa Semi-Árido.

CAPÍTULO 3

CARACTERIZAÇÃO DA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE VIDEIRA DA EMBRAPA SEMI-ÁRIDO UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES MICROSATÉLITES

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é o maior país da América do Sul com grande variedade de condições climáticas, permitindo uma ampla diversidade vegetal adaptadas aos mais diversos ecossistemas, desde as florestas tropicais na Amazônia e Mata Atlântica, ao longo da costa, quanto aos cerrados na região centro-oeste e caatinga na região semi-árida do Nordeste. O cultivo da videira no Brasil estende-se desde o extremo sul até a região Norte, utilizando-se técnicas culturais ajustadas a cada região produtora (Pommer, 2000). Existem aproximadamente 76.370 hectares de uvas no Brasil (AGRIANUAL, 2008), contudo a produção está concentrada nos Estados do Rio Grande do Sul e São Paulo. Os melhoristas têm selecionado novas cultivares de videiras tolerantes a condições climáticas extremas e adaptadas a diferentes práticas culturais, as quais incluem aquelas que permitem a produção de duas safras anuais com frutos de elevada qualidade em condições tropicais. A maior parte das uvas cultivadas no Brasil são cultivares européias (*Vitis vinifera* L.) e híbridos americanos, embora diversos híbridos desenvolvidos por programas de melhoramento no Brasil também sejam cultivados com sucesso.

Existem três repositórios de germoplasma de videira importantes no Brasil: o Banco de Germoplasma da Embrapa Uva e Vinho, em Jales, São Paulo; a coleção do Instituto Agronômico de Campinas em São Paulo; e a coleção da Embrapa Semi-Árido em Juazeiro, Bahia. Estas coleções preservam ampla diversidade de germoplasma de videira, constituem suporte aos programas de melhoramento e produtores e promovem o intercâmbio de germoplasma entre diversas instituições no Brasil.

A coleção de germoplasma de videira da Embrapa Semi-Árido é composta por 230 acessos e foi estabelecida em 1963, fornecendo subsídios especificamente para o agronegócio vitivinícola do Vale do São Francisco. Entre os seus acessos, destacam-se aqueles adaptados às condições tropicais semi-áridas do Nordeste do Brasil. Embora muitos genótipos sejam procedentes da Embrapa Uva e Vinho e do Instituto Agronômico de Campinas, a origem de um grande número deles permanece ainda desconhecida.

A identificação precisa dos acessos nas coleções e bancos de germoplasma é um requisito básico para o manejo coerente das coleções e para sua utilização pelos programas de melhoramento. Por isso, é essencial identificar e corrigir sinonímias, homonímias e erros na denominação de cultivares, possível de ocorrer durante a propagação do material vegetal.

Marcadores moleculares microsátélites têm sido utilizados na videira, juntamente com a ampelografia tradicional para resolver as questões mencionadas acima, como

demonstram os estudos de várias coleções nacionais como na Espanha (Sanchez-Escribano et al. 1999; Ibáñez et al. 2003; Nunez et al. 2004; Martin et al. 2006; Yuste et al. 2006; Fernández-González et al. 2007); Portugal (Lopes et al. 1999; Lopes et al. 2006 ; Almadanim et al. 2007); Itália (Grando et al. 1998; Constatini et al. 2005); Áustria (Sefc et al. 1998); Irã (Fatahi et al. 2003); Croácia (Maletic et al., 1999); Grécia (Lefort et al. 2001); Estados Unidos (Lamboy & Alpha, 1998; Dangl et al. 2001); Peru e Argentina (Martínez et al., 2006) e Chile (Narváez et al., 2001). Por outro lado, no Brasil não existem informações sobre a utilização de marcadores microsatélites para a caracterização de coleções de germoplasma de videira.

No presente estudo, um conjunto de marcadores moleculares microsatélites de referência (This et al., 2004) foram utilizados para gerar perfis genéticos (“DNA fingerprinting”) para 221 acessos de videira mantidos pela Embrapa Semi-Árido, incluindo uvas de mesa e de vinho, porta-enxertos, seleções brasileiras e espécies silvestres de *Vitis* spp. Os perfis genéticos obtidos foram comparados um ao outro e com bases de dados de perfis de DNA. Este é o primeiro uso de marcadores de DNA microsatélites para caracterizar uma coleção de germoplasma de videira no Brasil.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material vegetal

Duzentos e vinte e um acessos pertencentes à Coleção de Germoplasma de videira da Embrapa Semi-Árido, Juazeiro, Bahia foram analisados. Folhas jovens de cada acesso foram colhidas e secas entre folhas de papel absorvente, e acondicionadas em um envelope contendo sílica gel. Oito a dez envelopes lacrados foram embalados em um saco plástico ao qual se adicionou 50-60 g de cristais de drierite. Os envelopes foram mantidos fechados e guardados em local escuro.

2.2. Extração de DNA

Tecidos foliares desidratados foram homogeneizados com tampão de extração de DNA em sacos plásticos utilizando o homogeneizador mecânico Homes 6 (Bioreba, Longmont, CO). DNA genômico foi extraído utilizando o protocolo CTAB modificado proposto por Lodhi et al. (1994). Na etapa final, os pellets de DNA foram suspensos em 100 µL de solução tampão Tris EDTA (10 mM Tris-HCL, 1 mM EDTA, pH 8,0) armazenado à -20°C.

2.3. Análises de microsátélites

Sete marcadores moleculares microsátélites plenamente caracterizados e altamente polimórficos em videira foram utilizados: VVS2 (Thomas e Scott, 1993), VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVMD31 (Bowers et al. 1996; Bowers et al. 1999), VrZAG79 e VrZAG62 (Sefc et al. 1999). Um dos *primers* de cada par foi marcado na extremidade 5' com um dos seguintes tampões fluorescentes: 6-FAM, HEX e NED. A amplificação foi realizada individualmente para cada par de *primers* em uma reação de volume final de 10 µL consistindo de 2,5 ng/µL de DNA; 10 pmoles de cada *primer*; 2,5 mM de cada um dos desoxinucleotídeos (Applied Biosystem); 1 µL de tampão Gold 10X (Applied Biosystem); MgCl₂ 25 mM (Applied Biosystem) e 0,5 U de AmpliTaq Gold DNA polimerase. As reações de PCR foram conduzidas em um termociclador PTC-100 (MJ Researcher) cujo programa de ciclagem para todos os *primers* consistiu nas seguintes etapas: 5 minutos à 95°C, seguido por 35 ciclos de 30 segundos à 95°C, 45 segundos à 60°C, 1 minuto à 72°C e uma etapa de extensão final de 7 minutos à 72°C. Para confirmar as amplificações, utilizou-se uma alíquota de 4 µL do produto de PCR para eletroforese em gel de agarose 2% corado com brometo de etídeo (10 mg/mL). Alíquotas de 1,7 µL do produto de PCR foram misturados à 0,7 µL de formamida, 0,4 µL do tampão e 0,2 µL de DNA padrão (Genescan-500 ROX, Applied Biosystems). As amostras foram desnaturadas à 94°C por 2 minutos e aplicadas em

um seqüenciador de DNA modelo ABI 377 (PE/Applied Biosystems). Foram realizadas duas corridas no seqüenciador ABI para cada marcador a fim de se obter resultados consistentes e confiáveis. Quatro cultivares conhecidos de videira ('Carignane', 'Riesling', 'Thompson Seedless' e 'Chardonnay') foram carregados no mesmo gel como padrão interno para permitir a comparação consistente dos resultados entre diferentes géis. Os fragmentos de DNA foram detectados utilizando-se o software GeneScan™ versão 3.1 e os alelos foram identificados pela análise dos fragmentos obtidos por meio do software Genotyper™ versão 2.5.2. (PE/Applied Biosystems) (Figura 1).

2.4. Análise dos dados

Os perfis genéticos SSRs foram comparados a perfis publicados previamente (Sanchez-Escribano et al. 1999; Sefc et al. 1999) e a três bases de dados de referência: a base de dados de referência para identificação de videira, mantida pela *Foundation Plant Service*, Universidade da Califórnia, Davis (G. Dangl, com. pessoal), *Greek Vitis database* (<http://gvd.biology.uoc.gr/gvd/contents/index.htm>), e *Swiss Vitis Microsatellite database* (<http://hydra.unine.ch/svmd/>). Os tamanhos dos alelos foram primeiramente padronizados para serem compatíveis com as bases de dados de referência.

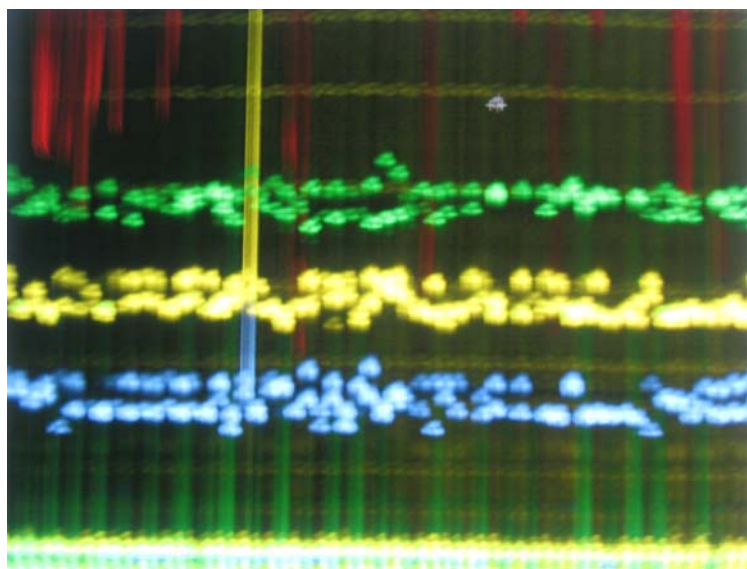


Figura 1 – Amplificação de acessos de videira utilizando três *primers* microsatélites marcados com tampões fluorescentes: 6-FAM (azul), HEX (amarelo) e NED (verde) e DNA padrão interno de tamanho conhecido Genescan ROX 500 (vermelho), separados em gel de poliacrilamida desnaturante 6% e visualizados em sequenciador semi-automatizado.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Duzentos e vinte e um acessos de videira que constituem a Coleção de Germoplasma da Embrapa Semi-Árido, em Juazeiro-BA, Brasil, foram genotipados com sete locos microsatélites. Perfis alélicos consistentes e confiáveis foram obtidos para 187 acessos em todos os marcadores SSR. Trinta e quatro amostras foram excluídas devido a erros na coleta de folhas, a má qualidade do DNA ou a inconsistência entre os perfis obtidos nas duas corridas independentes realizadas. Os perfis alélicos dos 187 acessos remanescentes foram comparados com àqueles das bases de dados de referência.

Os resultados permitiram a divisão da coleção em três grupos distintos: 1) acessos cujos perfis alélicos coincidiram com referências de mesmo nome; 2) acessos cujos perfis corresponderam ao de referências de nomes diferentes; e 3) acessos cujos perfis não corresponderam a nenhum perfil de referência disponível.

O primeiro grupo foi composto por 86 acessos de videira cujos perfis moleculares SSR para todos os sete locos foram idênticos aos perfis de referências validadas de mesmo nome ou de sinônimas reconhecidas (Tabela 1). Os resultados também confirmaram a correspondência entre os perfis de clones derivados de mutações somáticas. Diferenças entre os perfis SSR em clones de uma cultivar são raras (Riaz et al. 2002.), apesar de diferirem em características importantes como cor das bagas (Sefc et al 1998; Lopez et al. 1999; Martín et al., 2003). Neste estudo, os cinco clones de 'Itália' tem o mesmo perfil SSR apesar de existirem diferenças agrônômicas significativas entre eles. 'Itália clone 2', conhecido como 'Itália melhorada' no Vale do São Francisco, tem bagas e cachos maiores o que leva a produtividades mais elevadas e sabor moscatel mais pronunciado comparada aos outros clones de 'Itália'. Os cachos do 'clone 1' são maiores com 'ombros' mais largos e 'Itália Muscat' tem um intenso aroma e sabor moscato. Os clones 'Benitaka' e 'Brasil' são mutantes de cor de bagas, e possuem, respectivamente, bagas vermelhas e pretas. Os dois últimos são cultivados no Brasil como cultivares distintos (Leão, 2001). Existem também casos claros de sinônimas. Os dados dos perfis SSRs confirmaram as informações de literatura, nos quais 'Tinta Roriz' é sinônimo de 'Tempranillo' e 'Sultanina branca' é sinônimo de 'Thompson Seedless'. 'Catalunha' também foi confirmado como um sinônimo local de 'Thompson Seedless'.

O grupo 2 consiste de 30 acessos de videira cujos perfis SSRs corresponderam ao de referências validadas, porém com nomes distintos (Tabela 2). Baseado na correspondência dos perfis alélicos dos sete locos, os nomes de registro desses acessos na coleção da Embrapa Semi-Árido devem ser corrigidos. Dois acessos de 'Petite Syrah' foram incluídos neste grupo. Na Califórnia, 'Petit Syrah' destaca-se como um dos mais importantes

cultivares viníferas, produzindo vinhos tintos reconhecidos pela sua estrutura e cor intensas. Atualmente, ele é conhecido como sendo o cultivar francês 'Durif' ('Peloursin' X 'Syrah'), mas ocasionalmente foi confundido com 'Peloursin' nos vinhedos mais antigos da Califórnia (Meredith et al., 1999). Neste estudo, os perfis moleculares de 'Petite Syrah' corresponderam ao de 'Syrah', indicando claramente um erro de denominação na coleção. Outros casos onde os nomes dos acessos na coleção devem ser corrigidos foram: 'Kagina' é, na verdade, 'Cardinal'; 'Sauvignon' é 'Cabernet Sauvignon'; 'Branca Salitre' é 'Gros Vert'; 'Ceilad' e 'Portuguesa Blanes' são 'Criolla mediana'; 'Piratininga' é 'Queen' e 'Trebiano Toscano' é 'Sauvignonasse'.

O grupo 3 consiste de 71 acessos cujos perfis moleculares não encontraram correspondência com nenhum perfil de referência disponível nas bases de dados. Este grupo inclui cultivares de programas de melhoramento no Brasil (Instituto Agrônomo de Campinas e Embrapa); Argentina (série Gargiulo-INTA); Estados Unidos (Arkansas, Florida e Nova York) e França (série Seyve Villard). O maior grupo de acessos são os dos programas de melhoramento do Instituto Agrônomo de Campinas-IAC ('A Dona', 'Aurora' ou 'IAC 77526', 'Isaura', 'Juliana', 'Patricia', 'Paulistinha' e os porta-enxertos 'IAC 313' e 'IAC 766') e da Embrapa Uva e Vinho ('Moscato Embrapa', 'BRS Rubea', 'BRS Clara', 'BRS Linda', 'BRS Morena' e 'BRS Lorena'). Onze acessos no grupo 3 não apresentaram perfis genéticos compatíveis com os de referências validadas internacionalmente com o mesmo nome e portanto, não estão corretamente identificados na coleção (Tabela 3). Contudo, o nome correto só pôde ser determinado para alguns desses acessos. 'Orange Muscat' não correspondeu ao perfil molecular de uma referência de mesmo nome, mas coincidiu com os perfis moleculares dos acessos 'Aurora' e 'IAC77526'. Por outro lado, 'IAC77526' é o código da seleção de melhoramento para 'Aurora', ou seja, estas são duas amostras distintas de um mesmo cultivar. A correspondência entre os perfis sugere fortemente que 'Aurora' e 'IAC 77526' estão corretamente identificados na coleção e o seu perfil SSR pode ser utilizado como referência. Foram observadas outras correspondências entre os perfis moleculares de acessos da coleção, como pode ser observado na Tabela 3. Os nomes corretos para 'Mgt 41b', 'Isabel precoce' e 'Mission' são 'IAC 313', 'BRS Lorena' e 'IAC 766', respectivamente. Contudo, maiores informações sobre morfologia e fontes de procedência são necessários para validar a identificação destes três últimos e o seu uso como cultivares de referência.

A Tabela 4 apresenta os 60 acessos que não possuem perfis moleculares de referência internacionais. Foram observados correspondências internas entre os perfis de 'Imperatriz' e 'CG 28467', além de 'Aurora' e 'IAC 77526' mencionados acima. Entretanto, a correspondência entre os perfis de 'Júpiter' e 'CG 26858', como também 'A 1105' e 'A 1581' evidenciam que um deles ou ambos não estão corretamente identificados na coleção. Os perfis moleculares dos cultivares 'Marroo Seedless', 'Dona Maria' e 'Moscatuel' ('CG

102295') estão de acordo com aqueles observados por Sanchez-Escribano et al. (1999) nos mesmos cultivares utilizando os marcadores SSR VVS2, VVMD5 e VVMD7, indicando que estes cultivares estão corretamente identificados.

Poucos acessos dos programas de melhoramento possuem perfis moleculares de referência internacional disponíveis. No entanto, alguns deles têm pedigrees publicados que permitem que o seu perfil alélico seja comparado ao dos parentais conhecidos. As seleções do programa de melhoramento da Universidade do Arkansas, Estados Unidos ('A1105', 'A1581', 'A1118', 'Saturn', 'Vênus' e 'Reliance') apresentaram elevada similaridade genética. As seleções 'A1581' e 'A1105' apresentaram o mesmo perfil alélico, ambas são uvas sem sementes, mas tem bagas brancas e bagas negras, respectivamente. Estes cultivares podem ser irmãos ou clones; mais dados moleculares e informações de pedigree são necessários para esclarecer a sua relação genética.

A origem e o pedigree do acesso 'Roni Redi' são desconhecidos, mas ele possui um alelo em comum em seis locos com 'Beni Fugi'. 'Beni Fugi' é um tetraplóide resultante do cruzamento entre 'Golden Muscat' X 'Kuroshio'. Os dados de perfis SSR estão disponíveis apenas para 'Golden Muscat' e embora eles sejam consistentes para seis locos, devido à natureza tetraplóide de 'Beni Fugi', um maior número de marcadores são necessários para validar o parentesco entre eles.

Os perfis SSR para os acessos 'Baviera', 'Dacari', 'Damarim', 'Emperatriz' e 'Moscatuel' confirmaram que eles são sinônimas das seleções 'CG26916', 'CG 102024', 'CG 40016', 'CG 28467' e 'CG 102295', respectivamente. Estes cultivares foram desenvolvidos por Gargiulo no INTA-Argentina. Os pedigrees de 'CG26916', 'CG28467' e 'CG87908' não estão disponíveis, mas eles apresentaram um alelo em comum em seis locos com a cv. Thompson Seedless, sugerindo que este cultivar está em seu pedigree.

O cultivar germânico Regner possui um alelo em comum em todos os sete locos com 'Seyve Villard 12375', sugerindo fortemente uma relação parental/progênie entre ambos. Isto evidencia que a denominação deste acesso está incorreta nesta coleção, pois 'Regner' é conhecido como um cultivar *Vitis vinifera* puro ('Luglienca Bianca' X 'Gamay Precocé'; *Vitis International Variety Catalogue*).

Os perfis alélicos de 19 acessos do grupo 3 foram comparados ao de um ou ambos parentais disponível em uma base de dados de referência. Os resultados da análise indireta baseada em pedigree são mostrados na Tabela 4. Os acessos 'Ângelo Pirovano', 'BRS Rubea', 'CG 33716', 'Feal' e 'Ferlongo' apresentaram perfis diferentes de um ou ambos parentais, sugerindo que eles não estão corretamente identificados na coleção. A observação de caracteres morfológicos no campo confirmou os resultados dos perfis moleculares em dois acessos. Segundo Camargo (2003), 'BRS Rubea' possui bagas de

intensa cor vermelha, entretanto, as plantas da coleção tem bagas branca, confirmando o erro de identificação do acesso. 'Ferlongo' é uma cultivar portuguesa de bagas negras (*Vitis International Variety Catalogue*), mas na coleção as suas bagas são brancas. Além disso, o seu perfil molecular coincidiu com o de 'Moscatel Nazareno', ou seja, 'Ferlongo' na coleção, é na verdade, 'Moscatel Nazareno'. Não foi possível comparar os perfis de sete acessos ('Juliana', 'Lake Emerald', 'Mars', 'Paulistinha', 'Sovrano Pirovano', 'Tampa' e 'Vênus') com os perfis de seus parentais conhecidos (Tabela 4).

A comparação dos perfis alélicos dos aessos e de seus respectivos genitores confirmou a identidade de seis cultivares ('BRS Morena', 'CG26858', 'CG38049', 'Marroo Seedless', 'Moscatel Nazareno' e 'Reliance'), permitindo que os perfis moleculares SSR apresentados neste trabalho possam ser utilizados como uma referência validada para estes cultivares (Tabela 4). Os perfis de 'CG26858' e 'Jupiter' coincidiram, ou seja, este último cultivar da Universidade do Arkansas, pode não estar identificada corretamente na coleção.

O manejo de germoplasma requer atenção em várias etapas incluindo a integridade de sua origem (outras coleções ou locais não documentados), correta identificação e dados de passaporte, propagação do material vegetal e registros do plantio nas coleções em campo. Erros podem ocorrer em qualquer etapa durante a introdução e manutenção de novos acessos. Além de erros de denominação, a existência de sinónímias e homonímias é um dos maiores problemas no manejo das coleções de germoplasma de videira. Lopes et al. (1999; 2006) mencionaram que diversos casos de sinónímias e homonímias foram identificados pelo uso de onze locos SSRs em uma coleção de germoplasma de videira em Portugal. Na Espanha, sinónímias e homonímias foram detectados pela análise de acessos originários de diferentes coleções e regiões (Ibáñez et al. 2003; Yuste et al. 2006; Fernández-González et al. 2007). Costantini et al. (2005) identificaram nove casos de sinónímias e sete casos de homonímias ao analisarem 114 acessos procedentes da região da Campanha na Itália com 8 marcadores SSRs.

4. CONCLUSÃO

Neste estudo, foi desenvolvido uma base de dados de perfis moleculares SSRs para os acessos de videira da coleção de germoplasma da Embrapa Semi-Árido. Os resultados obtidos permitem integrar os dados dos perfis moleculares às características morfo-agronômicas dos acessos, a fim de estabelecer a correta identificação dos cultivares, reconhecer erros na denominação e identificar um grupo de acessos únicos cujos perfis não apresentaram correspondência com nenhuma referência das bases de dados internacionais. Este último grupo é muito importante e têm um grande impacto nos atuais e futuros programas de melhoramento genético da videira no Brasil. Os resultados obtidos são ainda passíveis de utilização para a certificação genética de mudas e de plantas, sendo, portanto um requerimento básico para viveiristas, viticultores, indústria vitivinícola e para a proteção legal de novas cultivares.

Tabela 1 – Oitenta e seis acessos confirmados neste estudo. Os perfis alélicos dos acessos designados por RV correspondem ao perfil de uma referência validada de mesmo nome ou sinonímia.

Nome do Acesso	Correspondência	Sinonímias
101-14	RV	Millardet de Grasset 101-14
1613C	RV	Couderc 1613
420 A	RV	Millardet de Grasset 420 A
Alfrocheiro	RV	
Altesse	RV	
Ancellota	RV	
Barbera	RV	
Baresana	RV	White Tokay
Beauty Seedless	RV	
Benitaka	CLONE	Italia
Brasil	CLONE	Italia
Bronx Seedless	RV	
Burger	RV	Monbadon
Cabernet Sauvignon	RV	
Campanário	RV	
Cardinal	RV	
Carignane	RV	
Catalunha	RV	Thompson Seedless
Centennial Seedless	RV	
Chenin Blanc	RV	
Crimson Seedless	RV	
Delight	RV	
Dogridge	RV	
Emerald	RV	
Emperor	RV	
Fantasy seedless	RV	
Fiesta	RV	
Flame Seedless	RV	
Flora	RV	
Gamay	RV	Gamay noir
Gewurztraminer	CLONE	Traminer
Grand Noir	RV	
Grenache	RV	
Gros Golman	RV	
Himrod Seedless	RV	
Imperio	RV	Imperator
Isabel	RV	
Itália	RV	
Itália Clone 1	CLONE	Italia
Itália Clone 2	CLONE	Italia
Italia Muscat	CLONE	Italia
Kober 5BB	RV	
Lakemont seedless	RV	
Loose Perlette	CLONE	Perlette
Madeleine Royal	RV	
Malvasia Branca	RV	
Moscato Canelli	RV	Muscat blanc, Muscat a Petits Grains
Moscato de Alexandria	RV	
Moscato de Hamburgo	RV	
Mouверdre	RV	Mataro, Esparte
Neo Muscat	RV	
Niagara Rosada	CLONE	Niagara

Tabela 1 – Continuação

Nome do Acesso	Correspondência	Comentários
Olivet Noir	RV	Cornichon
Palomino	RV	Listan
Panse Precoce	RV	
Paulsen 1103	RV	
Periquita	RV	Castelão
Perla de Gralia	RV	Perla de Csaba, Carrière
Peverella	RV	Verdicchio
Queen	RV	
Red Vletliner	RV	Velteliner rouge
Redglobe	RV	
Regina de Vignetti	RV	Scolokertek kiralynoje
Riesling Itálico	RV	
Royalty	RV	
Ruby Cabernet	RV	
Ruby Seedless	RV	
Saint Jeannet	RV	Gros Vert, Rosaki, Verdal
Sangeovese	RV	
Seara Nova	RV	
Semillon	RV	
Seyve Villard 20365	RV	Dattier di Saint Vallier
Siegenerbe	RV	
Souzao	RV	
Suffolk Red Seedless	RV	Suffolk Red
Sultanina Branca	RV	Thompson Seedless
Sultanina Moscato	RV	
Superior seedless	RV	Sugraone
Sylvaner	RV	Sylvaner blanc
Tannat	RV	
Tempranillo	RV	Tinta Roriz, Valdepenas
Thompson Seedless	RV	
Tibouren	RV	Tibouren noir
Tinta Roriz	RV	Tempranillo
Tocai Friulano	RV	Tocai Friulano, Sauvignonasse
Ugni Blanc	RV	Trebbiano Toscano, St Emilion

RV: Referência Validada

Tabela 2 – Trinta acessos da coleção da Embrapa Semi-Árido, Juazeiro, BA com nomes corrigidos por comparação com os perfis SSR de referências validadas. Correspondência refere-se aos nomes dos genótipos nas bases de dados.

Nome do Acesso	Correspondência	Sinonímias
99 Richer	Richter 110	
Baco Blanc	Semillon	
Blush Seedless	Black Monukka	
Branca Salitre	Gros Vert blanc	Rosaki, Saint Jeannet, Verdal
Canner	Thompson Seedless	
Ceilad	Criolla mediana	Black Prince
Christmas Rose	Emperor	
Cinsaut	Syrah	
Dattier de Beiroth	Darkaia	
Dawn Seedless	Centennial Seedless	
Deckrot	Pinot noir	"Grupo Pinot"
Estevão Marinho	Black Morocco	
Frakenthal	Cornichon violet	Alulu, Rosa Minna
Gamay Beaujolais	Valdiguie	Napa Gamay
Kagina	Cardinal	
Malvasia Chartreuse	Valenci blanco	Teneron, Beba, Malaga
Mont Serrat	Exotic	
Moscato Grega	Chasselas blanc	Existem vários clones para cor de bagas com o mesmo perfil alélico
Moscato Rosada	Malaga Rosada	Moscatel Rosada De Blas
Muscat caillaba	Muscat Hamburg	Muscat caillaba é um sinônimo para Muscat blanc
Piratininga	Queen	
Petit Syrah FR	Syrah	
Petit Syrah RS	Syrah	
Portuguese Blanes	Criolla mediana	Ver acima, Ceilad
Regina Roma	Dattier de Beyrouth	Karabournov, Waltham Cross
Rodi	Perlette	
Rosaky Rosada	Cornichon violet	Ver acima, Frakenthal
Sauvignon	Cabernet Sauvignon	
Tardia de Caxias	Riesling	
Trebbiano Toscano	Sauvignonasse	Tocai Friulano

Tabela 3 – Onze acessos da coleção da Embrapa Semi-Árido, Juazeiro, BA cujos perfis SSRs não correspondem aos perfis de referências validadas e não estão corretamente identificadas na coleção. Correspondência interna refere-se aos diversos acessos de mesmo genótipo na coleção.

Nome do acesso	Correspondência Interna	Sinonímias
Mgt 41B	IAC 313	
Colombard		
Dattier Saint Vallier		
Early Muscat		
Ferral		
Isabel Precoce	BRS Lorena	
Mission	IAC 766	
Muller Thurgau		
Orange Muscat	Aurora, IAC 77526	IAC 77526 é o n° de seleção de 'Aurora'
Petit verdot		
SO4		

Tabela 4 – Sessenta acessos da coleção da Embrapa Semi-Árido, Juazeiro, BA, cujos perfis moleculares SSR não encontraram correspondência com nenhuma referência disponível nas bases de dados. O tamanho dos alelos (pb) para sete marcadores SSR estão listados. Correspondência interna refere-se aos diversos acessos de mesmo genótipo na coleção. Os casos onde os perfis SSR poderão ser utilizados para confirmar parentesco e ainda verificar a identidade dos acessos estão anotados.

Acessos	Uso*	Pedigree	Correspondência interna/parentais confirmados	VVMD5	VVMD7	VVMD27	VVMD31	VVS2	VrZAG62	VrZAG79							
A 1105	M	Híbrido	A1581	236	238	239	247	179	185	212	216	125	151	197	205	251	265
A 1118	M	Híbrido		226	238	239	251	179	185	216	216	133	151	195	197	251	255
A 1581	M	Híbrido	A 1105	236	238	239	247	179	185	212	216	125	151	197	205	251	265
A Dona	M	³ Soraya × IAC 544-14 Chasselas Rose × Muscat	Himoront	232	238	241	253	179	194	212	212	133	151	189	203	255	255
Ângelo Pirovano	M	Hamburg ³ (IAC 394-16 × Maria) ×	Não confirmado	234	236	239	247	185	185	210	210	135	143	189	193	239	245
Aurora	V	Moscatel branco	IAC77526	234	248	237	249	181	181	204	204	149	149	183	187	249	255
Baviera	M			234	234	239	243	181	194	212	214	143	151	189	189	243	259
Beni Fugi	M	¹ Golden Muscat × Kuroshio		238	238	239	249	185	185	204	212-216	133	135-149	187	189	ND	ND
Blue Lake	M	¹ V. <i>smalliana</i> O.P. × Caco		226	232	235	237	189	189	206	214	133	133	181	207	247	261
Bordo	V	¹ Hartford × O.P. ⁵ CNPUV 154-147 × Centennial		236	236	235	249	185	185	204	216	123	135	203	203	247	247
BRS Clara	M	Seedless		226	238	239	253	179	194	212	216	133	133	189	189	247	255
BRS Linda	M	⁵ CNPUV 154-90 × Saturn		236	238	239	249	194	194	216	220	135	151	189	205	247	257
BRS Lorena	V	⁵ Malvasia Bianca × Seyval ⁵ Marroo Seedless × Centennial	Isabel Precoce	232	236	235	247	187	187	204	212	125	133	195	203	237	247
BRS Morena	M	Seedless	Confirmado	236	238	ND	ND	177	192	212	216	135	135	189	197	255	257
BRS Rubea	S	⁵ Niagara Rosada × Bordo	Não confirmado	226	252	239	243	179	189	212	212	133	133	189	189	255	261
Califórnia		V. <i>vinifera</i> ¹ Alphonsee Lavallee ×		228	232	239	247-249	183	185	212	212	133	135-143	189	193-195	237	243
CG 26858	M, P	Sultanina	Confirmado	234	238	253	255	185	194	210	210	135	145	189	205	239	259
CG 28467	M	¹ Emperor × Sultanina ¹ Dattier de Beiroth × Thompson	Emperatriz	234	236	243	253	194	194	210	212	135	145	189	189	257	259
CG 33716	M	Seedless	Não confirmado	236	236	239	243	189	194	210	210	135	145	189	189	243	259
CG 351	M	¹ Gibi × Sultanina		234	234	237	245	181	181	210	212	133	143	189	189	ND	ND

Tabela 4 - Continuação

Acessos	Uso*	Pedigree	Correspondência interna/parentais confirmados	VVMD5	VVMD7	VVMD27	VVMD31	VVS2	VrZAG62	VrZAG79							
CG 38049	V	¹ Riesling × (Gibi × Sultanina)	Confirmado	234	234	239	249	189	194	212	214	151	151	189	205	245	257
CG 39915	M	¹ Saint Jeannet × Sultanina		234	246	239	247	185	194	212	212	143	143	187	189	251	259
CG 87908	M	<i>V. vinifera</i>		228	236	239	247	181	181	212	216	145	151	189	205	241	247
Dacari				226	228	249	253	181	194	212	216	149	149	187	189	247	247
Damarim				228	234	239	253	181	181	212	212	145	145	189	189	247	255
Dominga	V, M	<i>V. vinifera</i>		234	238	249	251	183	194	210	220	133	135	189	205	247	257
Dona Maria	V, M	¹ Moscatel de Setubal × Rosaki		226	228	239	251	185	194	212	224	135	149	189	205	247	251
Emperatriz	M	¹ Emperor × Sultanina	CG 28467	234	236	243	253	194	194	210	212	135	145	189	189	257	259
Feal	M	¹ Italia × Fernão Pires	Não confirmado	226	228	239	239	192	192	212	212	145	149	189	189	245	245
Ferlongo	M	¹ Ferral × Alphonse Lavallee	Moscatel Nazareno	236	238	243	249	179	179	204	216	145	149	187	189	251	255
Himoront	M	³ Soraya × IAC 544-14	A Dona	232	238	241	253	179	194	212	212	133	151	189	203	255	255
IAC 313	PE	³ Golia × <i>V. cinerea</i>	Mgt 41B	240	268	235	257	ND	ND	200	218	143	143	197	205	243	255
IAC 766	PE	³ Mg 106-8 × <i>V. tiliifolia</i> ³ (IAC 394-16 × Maria) ×	Mission	240	240	235	265	199	207	200	200	133	137	201	205	243	255
IAC 77526	V	Moscatel branco	Aurora	234	248	237	249	181	181	204	204	149	149	183	187	249	255
Isaura	M	Híbrido		232	238	243	249	179	185	210	212	143	149	187	189	255	259
Juliana	M	³ Italia × Madalena (IAC 21-14)	Não confirmado	228	238	239	247	179	179	204	212	137	149	189	193	243	255
Júpiter	M	¹ A 1258 × A 1672	CG 26858	234	238	253	255	185	194	210	210	135	145	189	205	239	259
Lake Emerald	V, M	¹ Pixiola × Golden Muscat ¹ Pirovano 50 × Delizia de	Não confirmado	238	238	237	249	179	185	216	216	141	149	181	187	239	249
Marengo Pirovano	M	Vaprio ¹ Carolina Blackrose × Ruby		226	232	239	249	183	194	210	222	133	133	189	205	247	257
Marroo Seedless	M	Seedless	Confirmado	236	236	239	249	194	194	212	220	135	151	197	205	257	257
Mars	M	¹ Island belle × A1339 ¹ Muscat Hamburg × Joao	Não confirmado	236	244	235	249	183	185	204	216	125	151	187	203	247	247
Moscatel Nazareno	V	Santarem	Confirmado	236	238	243	249	179	181	204	216	145	149	187	189	251	255
Moscato Embrapa	V	Híbrido		238	240	235	251	185	185	196	210	141	151	195	203	239	251
Moscato Noir	V, M	<i>V. vinifera</i> ¹ Moscatel Rosada nº2 ×		228	236	ND	ND	185	185	218	222	135	149	187	193	251	251
Moscatuel	M	(Cardinal × Sultanina)		226	228	239	249	181	181	210	210	135	149	187	189	247	255
Muscat Saint Vallier	M	¹ Seyve Villard 12-129 × Panse		232	238	239	249	179	189	212	212	135	149	187	189	255	259
Neptune	M	Híbrido		238	238	233	237	185	194	198	212	143	149	193	201	251	265

Tabela 4 - Continuação

Acessos	Uso*	Pedigree	Correspondência interna/parentais confirmados	VVMD5		VVMD7		VVMD27		VVMD31		VVS2		VrZAG62		VrZAG79	
Patricia	M	³ Soraya × IAC 544-14		232	236	235	247	179	199	204	214	133	151	193	205	243	247
Paulistinha	M	³ Niagara Branca × Sultanina ¹ Bicane × Muscat	Não confirmado	234	234	235	239	179	194	ND	ND	123	151	189	205	237	259
Perlona	M	Madresfield ¹ Luglienca Bianca × Gamay		238	238	243	247	179	194	202	210	133	135	189	193	255	255
Regner	V	Precoce		226	232	247	251	181	189	214	214	143	151	195	195	245	255
Reliance	V, M	¹ Ontario × Suffolk Red	Confirmado	236	238	235	247	185	185	204	216	125	155	203	205	247	259
Roni Redi				232	238	235	249	185	185	204	204	125	135	187	203	239	243
Saturn	M	¹ Dunstan 210 × New York 45791		238	238	239	247	179	185	212	216	133	151	197	205	251	265
Seyve Villard 12327	V	¹ Seibel 6468 × Seibel 6905		226	232	237	239	181	181	198	214	135	145	181	195	243	255
Seyve Villard 12375	V	¹ Seibel 6468 × Seibel 6905 ¹ Frakenthal × Delizia de		232	236	237	251	181	189	214	214	133	143	181	195	255	261
Sovrano Pirovano	M	Vaprio	Não confirmado	232	236	247	249	181	194	212	224	133	135	193	205	257	259
Stover	V, M	² Mantey × Roucaneuf		232	236-238	235	243-249	179	189	204	216	133	145-149	187	207	251	255
Tampa	PE	¹ V. <i>smalliana</i> O.P. × Niagara	Não confirmado	248	248	235	241	185	194	204	204	133	137	173	203	247	259
Vênus	M	¹ Alden × New York 46000	Não confirmado	238	238	235	235	185	185	196	216	125	135	203	207	265	265

^a V: vinho, M: mesa, P: passa, PE: porta-enxerto, S: suco

Fontes: ¹Vitis International Variety Catalogue (<http://www.vivc.bafz.de/>);

²European Vitis Database (www.genres.de/eccdb/vitis/);

³Instituto Agronômico de Campinas (www.iac.sp.gov.br/centros/fruticultura/melhoramento%20videira.htm);

⁴Embrapa Semi-Arido (http://www.cpatia.embrapa.br/sistema_producao/spvideira/cultivares.htm);

⁵Embrapa Uva e Vinho

(<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Uva/UvaAmericanaHibridaClimaTemperado/cultivar.htm#cultivares>)

APÊNDICE

Quadro 1 - Tamanho dos alelos (pb) para cada um dos sete locos SSRs (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVMD31, VrZAG62 e VrZAG79) em 187 acessos de *Vitis* ssp. da coleção de germoplasma da Embrapa Semi-Árido

Acessos	VVMD5		VVMD7		VVMD27		VVMD31		VVS2		VrZAG62		VrZAG79	
Grupo 1														
101-14	256	266	243	253	197	207	206	212	133	143	174	191	255	255
1613C	238	268	245	251	177	209	216	216	129	139	189	191	257	257
420 A	238	264	231	263	193	217	200	202	127	137	192	197	255	255
Alfrocheiro	226	238	253	257	189	189	204	212	143	151	189	201	251	251
Altesse	226	236	247	253	189	191	212	216	133	151	195	205	245	251
Ancellota	232	232	239	263	185	189	212	216	133	155	195	195	245	247
Barbera	226	226	249	253	185	189	212	212	133	135	193	201	243	259
Baresana	234	236	247	253	179	194	214	224	135	151	197	205	251	257
Beauty Seedless	234	236	247	253	181	181	212	216	133	151	189	205	247	255
Benitaka	232	238	241	245	179	194	212	214	133	149	193	205	ND	ND
Brasil	232	238	243	247	ND	ND	212	214	133	149	193	205	255	257
Bronx Seedless	234	238	241	241	181	185	204	212	123	151	189	203	237	247
Burger	226	232	239	249	179	181	212	216	143	151	195	197	243	251
Cabernet Sauvignon	232	240	239	239	175	189	206	210	139	151	189	195	243	247
Campanário	226	238	239	257	181	183	216	216	145	151	189	195	245	247
Cardinal	226	236	249	249	179	185	212	216	135	135	187	187	251	255
Carignane	226	228	239	239	181	185	210	210	143	145	187	189	251	259
Catalunha	234	234	239	253	181	194	212	212	145	151	189	189	247	259
Centennial Seedless	236	238	239	239	179	194	212	216	135	135	189	189	247	255
Chenin Blanc	228	232	239	257	175	189	210	216	133	151	189	195	247	251
Crimson Seedless	228	236	239	249	194	194	212	220	135	151	189	205	247	257
Delight	234	236	239	249	181	181	212	212	135	145	187	189	247	255
Dogridge	264	264	233	251	191	213	206	226	133	141	175	191	239	255
Emerald	228	236	239	249	194	194	212	220	135	151	189	205	247	257
Emperor	236	236	243	249	181	194	210	220	133	135	189	205	247	257
Fantasy seedless	234	238	239	249	194	197	212	216	135	151	187	193	257	259
Fiesta	236	240	249	253	181	194	212	212	151	151	187	189	251	259
Flame Seedless	234	236	239	253	181	185	212	212	133	151	189	189	247	251
Flora	232	236	239	243	185	189	204	210	133	151	189	189	245	251
Gamay	234	238	239	249	181	189	214	216	133	137	195	205	243	245
Gewurztraminer	232	238	243	257	189	189	204	216	151	151	189	195	245	251
Grand Noir	226	234	239	243	181	181	204	212	139	151	189	189	243	259
Grenache	226	240	239	243	194	194	210	212	137	145	189	189	253	257
Gros Golman	226	236	247	255	179	185	210	210	133	135	203	205	249	251
Himrod Seedless	234	238	239	247	185	194	212	216	125	151	189	205	259	265
Imperio	232	238	ND	ND	179	179	212	216	137	149	187	189	239	255
Isabel	236	238	235	249	183	183	204	216	123	151	203	205	237	247
Itália	232	238	243	247	179	194	212	214	133	149	193	205	255	257
Itália Clone 1	232	238	243	247	ND	ND	212	214	133	149	193	205	255	257
Itália Clone 2	232	238	243	247	179	194	210	214	133	149	193	205	251	255
Itália Muscat	232	238	243	247	179	194	212	214	133	149	193	205	255	257
Kober 5BB	236	266	233	265	191	211	200	206	141	149	201	215	251	259
Lakemont seedless	234	238	235	253	181	185	204	212	123	151	189	203	247	259
Loose Perlette	234	236	247	253	181	181	212	212	133	145	189	205	247	255
Madeleine Royal	228	236	243	247	181	189	212	216	151	155	189	195	245	259
Malvasia Branca	226	228	233	239	181	181	212	212	133	133	189	197	255	259

Quadro 2 - Continuação

Acessos	VVMD5		VVMD7		VVMD27		VVMD31		VVS2		VrZAG62		VrZAG79	
Grupo 1														
Moscato Canelli	228	236	233	249	179	194	212	216	133	133	187	197	251	255
Moscato de Alexandria	228	232	249	251	179	194	216	224	133	149	187	205	247	255
Moscato de Hamburgo	232	238	247	249	185	185	212	216	135	149	187	193	239	255
Mouverdre	226	240	249	249	179	189	206	212	133	151	189	205	251	261
Neo Muscat	228	234	243	249	179	194	204	216	127	149	187	189	255	257
Niagara Rosada	236	236	235	241	185	185	204	204	123	133	203	203	237	259
Olivette Noir	232	240	239	249	189	194	212	212	135	135	195	203	247	251
Palomino	228	240	239	249	185	194	204	214	133	145	189	195	251	257
Panse Precoce	226	238	243	249	189	194	212	214	133	133	187	189	251	257
Paulsen 1103	236	236	233	257	207	207	204	212	137	147	197	215	251	263
Periquita	236	238	243	257	181	181	204	210	143	145	189	189	247	251
Perla de Gralia	236	236	247	249	181	181	216	224	133	155	187	205	255	259
Peverella	228	240	239	247	179	185	210	212	133	155	197	197	247	255
Queen	232	234	239	249	181	181	212	216	135	151	187	189	247	255
Red Vletliner	240	246	239	253	183	194	210	224	133	133	193	197	251	251
Redglobe	236	238	239	249	181	181	210	212	135	151	187	189	247	259
Regina de Vignetti	226	236	247	249	179	185	212	216	133	135	187	205	251	255
Riesling Itálico	226	238	247	257	185	189	212	216	135	151	195	197	251	251
Royalty	234	238	249	257	175	194	204	214	145	151	189	199	247	255
Ruby Cabernet	226	232	239	239	175	181	206	210	143	151	189	195	247	259
Ruby Seedless	228	236	239	249	194	194	212	220	133	151	189	205	257	259
Saint Jeannet	226	238	243	249	179	194	212	216	133	137	189	201	255	257
Sangeovese	226	236	239	263	179	185	212	212	133	133	195	197	243	259
Seara Nova	238	240	239	243	181	183	208	214	143	145	189	195	247	247
Semillon	236	238	239	257	175	185	204	210	133	133	189	195	247	251
Seyve Villard 20365	236	238	249	251	185	189	216	216	133	135	187	195	239	261
Siegerrebe	232	236	243	247	189	194	204	224	135	151	189	205	245	249
Souzao	222	226	239	263	189	189	212	212	133	135	189	197	245	251
Suffolk Red Seedless	234	236	235	253	181	185	204	212	125	155	189	203	247	259
Sultanina Branca	234	234	239	253	181	194	212	212	145	151	189	189	247	259
Sultanina Moscato	228	234	239	249	194	194	212	224	149	151	187	189	247	259
Superior seedless	226	236	239	249	181	181	210	212	135	135	187	189	255	259
Sylvaner	226	232	243	247	189	194	204	210	151	153	189	205	249	249
Tannat	238	240	249	249	185	189	212	212	143	155	195	201	239	251
Tempranillo	236	236	239	253	181	183	210	212	143	143	197	201	247	251
Thompson Seedless	234	234	239	253	181	194	212	212	145	151	189	189	247	259
Tibouren	226	238	247	249	179	179	212	212	133	139	187	205	249	259
Tinta Roriz	236	236	239	253	181	183	210	212	143	143	197	201	247	251
Tocai Fruilano	228	238	239	257	185	194	210	216	133	151	189	195	251	251
Ugni Blanc	226	232	249	253	179	183	210	212	133	143	195	201	245	251
Grupo 2														
99 Richer	234	268	231	257	189	205	204	212	137	143	197	215	243	259
Baco Blanc	236	238	239	257	175	185	204	210	133	133	189	195	247	251
Blush Seedless	234	240	253	253	181	194	212	212	141	151	189	189	247	257
Branca Salitre	226	238	243	249	179	194	212	216	133	137	189	201	255	257
Canner	234	234	239	253	181	194	212	212	145	151	189	189	247	259
Ceilad	228	232	249	249	189	194	212	216	133	133	187	195	243	247
Christmas Rose	236	236	243	249	181	194	210	220	133	135	189	205	247	257

Quadro 1 - Continuação

Acessos	VVMD5		VVMD7		VVMD27		VVMD31		VVS2		VrZAG62		VrZAG79	
Grupo 2														
Cinsaut	226	232	239	239	189	191	212	216	133	133	189	195	245	251
Dattier de Beiroth	228	228	239	247	183	194	210	212	139	143	189	195	245	257
Dawn Seedless	236	238	239	239	179	194	212	216	135	135	189	189	247	255
Deckrot	228	238	239	243	185	189	216	216	137	151	189	195	239	245
Estevão Marinho	226	232	239	251	179	194	216	224	149	153	189	205	247	257
Frakenthal	232	246	239	247	181	185	212	212	139	143	187	189	251	259
Gamay Beaujolais	226	238	239	263	179	191	210	216	143	151	197	203	255	259
Kagina	226	236	249	249	179	185	212	216	135	135	187	187	251	255
Malvasia Chartrense	236	240	243	249	181	189	210	220	135	143	189	205	243	247
Mont Serrat	238	238	239	249	185	194	212	216	135	135	187	193	251	257
Moscato Grega	228	236	239	247	185	189	212	216	133	143	195	205	251	259
Moscato Rosada	228	228	237	247	179	179	212	224	145	149	187	203	247	255
Muscat caillaba	232	238	247	249	179	185	212	216	135	149	187	193	239	255
Petit Syrah FR	226	232	239	239	189	191	212	216	133	133	189	195	245	251
Petit Syrah RS	226	232	239	239	191	191	212	216	133	133	189	195	245	251
Piratininga	232	234	239	249	179	179	210	ND	135	151	187	189	247	255
Portuguese Blanes	228	232	249	249	189	194	212	216	133	133	187	195	243	247
Regina Roma	226	232	239	249	185	185	204	212	133	135	187	189	243	251
Rodi	234	236	247	253	179	181	212	212	133	145	189	205	247	255
Rosaky Rosada	232	246	239	247	181	185	212	212	139	143	187	189	251	259
Sauvignon	ND	ND	239	239	ND	ND	206	210	139	151	189	195	247	247
Tardia de Caxias	226	234	249	257	181	189	204	214	143	151	195	205	243	245
Trebbiano Toscano	228	240	239	257	185	194	210	216	133	151	189	195	251	251
Grupo 3a														
41B	ND	ND	235	257	ND	ND	200	218	143	143	197	205	ND	ND
Colombard	228	240	243	289 249-	185	185	210	212	133	145	189	191 189-	247	251
Dattier Saint Vallier	232	238	239	251	185	189	212	216	135	135	187	195	237	259
Early Muscat	236	238	239	247	179	183	212	212	133	147	193	193	247	255
Ferral	234	238	233	247	179	194	214	220	145	145	197	205	247	257
Isabel Precoce	ND	ND	235	247	187	187	204	212	125	133	195	203	237	247
Mission	240	240	235	265	199	207	200	200	133	137	201	205	243	255
Muller Thurgau	228	228	239	249	181	181	212	224	145	149	189	205	247	255
Orange Muscat	234	248	237	249	181	181	204	230	133	149	183	187	249	255
Petit verdot	226	232	249	263	181	189	212	216	151	155	201	205	251	259
SO4	236	266	231	265	203	211	200	204	145	149	201	211	255	259
Grupo 3b														
A 1105	236	238	239	247	179	185	212	216	125	151	197	205	251	265
A 1118	226	238	239	251	179	185	216	216	133	151	195	197	251	255
A 1581	236	238	239	247	179	185	212	216	125	151	197	205	251	265
A Dona	232	238	241	253	179	194	212	212	133	151	189	203	255	255
Ângelo Pirovano	234	236	239	247	185	185	210	210	135	143	189	193	239	245
Aurora	234	248	237	249	181	181	204	204	149	149	183	187	249	255
Baviera	234	234	239	243	181	194	212	214 212-	143	151 135-	189	189	243	259
Beni Fugi	238	238	239	249	185	185	204	216	133	149	187	189	ND	ND
Blue Lake	226	232	235	237	189	189	206	214	133	133	181	207	247	261
Bordo	236	236	235	249	185	185	204	216	123	135	203	203	247	247
BRS Clara	226	238	239	253	179	194	212	216	133	133	189	189	247	255
BRS Linda	236	238	239	249	194	194	216	220	135	151	189	205	247	257

Quadro 1 - Continuação

Acessos	VVMD5		VVMD7		VVMD27		VVMD31		VVS2		VrZAG62		VrZAG79	
Grupo 3b														
BRS Lorena	232	236	235	247	187	187	204	212	125	133	195	203	237	247
BRS Morena	236	238	ND	ND	177	192	212	216	135	135	189	197	255	257
BRS Rubea	226	252	239	243	179	189	212	212	133	133	189	189	255	261
Califórnia	228	232	239	247-249	183	185	212	212	133	135-143	189	193-195	237	243
CG 26858	234	238	253	255	185	194	210	210	135	145	189	205	239	259
CG 28467	234	236	243	253	194	194	210	212	135	145	189	189	257	259
CG 33716	236	236	239	243	189	194	210	210	135	145	189	189	243	259
CG 351	234	234	237	245	181	181	210	212	133	143	189	189	ND	ND
CG 38049	234	234	239	249	189	194	212	214	151	151	189	205	245	257
CG 39915	234	246	239	247	185	194	212	212	143	143	187	189	251	259
CG 87908	228	236	239	247	181	181	212	216	145	151	189	205	241	247
Dacari	226	228	249	253	181	194	212	216	149	149	187	189	247	247
Damarim	228	234	239	253	181	181	212	212	145	145	189	189	247	255
Dominga	234	238	249	251	183	194	210	220	133	135	189	205	247	257
Dona Maria	226	228	239	251	185	194	212	224	135	149	189	205	247	251
Emperatriz	234	236	243	253	194	194	210	212	135	145	189	189	257	259
Feal	226	228	239	239	192	192	212	212	145	149	189	189	245	245
Ferlongo	236	238	243	249	179	179	204	216	145	149	187	189	251	255
Himoront	232	238	241	253	179	194	212	212	133	151	189	203	255	255
IAC 313	240	268	235	257	ND	ND	200	218	143	143	197	205	243	255
IAC 766	240	240	235	265	199	207	200	200	133	137	201	205	243	255
IAC 77526	234	248	237	249	181	181	204	204	149	149	183	187	249	255
Isaura	232	238	243	249	179	185	210	212	143	149	187	189	255	259
Juliana	228	238	239	247	179	179	204	212	137	149	189	193	243	255
Júpiter	234	238	253	255	185	194	210	210	135	145	189	205	239	259
Lake Emerald	238	238	237	249	179	185	216	216	141	149	181	187	239	249
Marengo Pirovano	226	232	239	249	183	194	210	222	133	133	189	205	247	257
Marroo Seedless	236	236	239	249	194	194	212	220	135	151	197	205	257	257
Mars	236	244	235	249	183	185	204	216	125	151	187	203	247	247
Moscatel Nazareno	236	238	243	249	179	181	204	216	145	149	187	189	251	255
Moscato Embrapa	238	240	235	251	185	185	196	210	141	151	195	203	239	251
Moscato Noir	228	236	ND	ND	185	185	218	222	135	149	187	193	251	251
Moscatuel	226	228	239	249	181	181	210	210	135	149	187	189	247	255
Muscat Saint Vallier	232	238	239	249	179	189	212	212	135	149	187	189	255	259
Neptune	238	238	233	237	185	194	198	212	143	149	193	201	251	265
Patricia	232	236	235	247	179	199	204	214	133	151	193	205	243	247
Paulistinha	234	234	235	239	179	194	ND	ND	123	151	189	205	237	259
Perlona	238	238	243	247	179	194	202	210	133	135	189	193	255	255
Regner	226	232	247	251	181	189	214	214	143	151	195	195	245	255
Reliance	236	238	235	247	185	185	204	216	125	155	203	205	247	259
Roni Redi	232	238	235	249	185	185	204	204	125	135	187	203	239	243
Saturn	238	238	239	247	179	185	212	216	133	151	197	205	251	265
Seyve Villard 12327	226	232	237	239	181	181	198	214	135	145	181	195	243	255
Seyve Villard 12375	232	236	237	251	181	189	214	214	133	143	181	195	255	261
Sovrano Pirovano	232	236	247	249	181	194	212	224	133	135	193	205	257	259
Stover	232	236-238	235	243-249	179	189	204	216	133	145-149	187	207	251	255
Tampa	248	248	235	241	185	194	204	204	133	137	173	203	247	259
Vênus	238	238	235	235	185	185	196	216	125	135	203	207	265	265

ND: não determinado

3. CONCLUSÕES GERAIS

1. As técnicas multivariadas para estudo de diversidade genética aplicadas aos caracteres de variação contínua (método de otimização de Tocher e componentes principais) foram concordantes entre si. Entretanto, não houve concordância entre a formação dos grupos utilizando variáveis contínuas e multicategóricas.
2. A análise de diversidade baseada em caracteres morfo-agronômicos de variáveis contínuas e multicategóricas demonstraram a presença de variabilidade satisfatória entre os acessos de uvas de mesa, entretanto, esta variabilidade foi inferior entre os acessos de uvas para processamento.
3. A análise de componentes principais e correlações evidenciaram que a característica 'peso de bagas' pode ser dispensada em futuros trabalhos de avaliação morfo-agronômica de acessos de uvas de mesa, entretanto nenhuma característica deverá ser descartada na avaliação dos acessos de uvas para processamento.
4. A análise de agrupamento baseado em caracteres morfo-agronômicos resultou na separação dos acessos de acordo com características fenotípicas comuns como peso de bagas e produção (variáveis contínuas), consistência da polpa e presença de sementes (variáveis multicategóricas). Entretanto, características como espécie botânica, origem geográfica ou genealogia não foi determinante no agrupamento dos acessos.
5. Os métodos de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA aplicados a dados moleculares RAPD e microsatélites apresentaram grande concordância na formação dos grupos, entretanto, quando se utilizou UPGMA observou-se uma maior coerência entre a formação dos grupos e a genealogia dos cultivares.
6. O estudo de diversidade genética utilizando dados moleculares permitiu o agrupamento dos cultivares de acordo com a sua genealogia, sendo mais recomendados do que os caracteres morfo-agronômicos para estudos de relações de parentesco e origem.
7. A análise de diversidade baseada em dados moleculares microsatélites aliada às características agronômicas permitiu a recomendação de diversos cruzamentos, destacando-se aqueles entre cultivares de uvas sem sementes, um importante subsídeo no âmbito do programa de melhoramento de videira da Embrapa Semi-Árido.

8. Oitenta e seis acessos de videira da coleção de germoplasma da Embrapa Semi-Árido apresentaram perfis alélicos SSR compatíveis com os perfis de referências de mesmo nome nas bases de dados, indicando que eles estão corretamente identificados.
9. Trinta acessos apresentaram perfis alélicos compatíveis com os perfis de referências com nomes distintos nas bases de dados, demonstrando que os nomes de registro desses acessos na coleção estão incorretos e devem ser corrigidos.
10. Os perfis alélicos de onze acessos de videira não foram compatíveis com os perfis de referências de mesmo nome e com nenhum outro perfil alélico publicado nas bases de dados, evidenciando erros na denominação dos acessos. Estes acessos devem ser eliminados da coleção de germoplasma.
11. Sessenta acessos de videira foram genotipados pela primeira vez com um conjunto de sete marcadores moleculares microsatélites, logo não existe nenhuma referência de mesmo nome ou perfil alélico nas bases de dados.
12. Os pares de acessos 'A Dona' e 'Himoront', 'Júpiter' e 'CG 26858', 'Ferlongo' e 'Moscatel Nazareno', 'A1581' e 'A1105' apresentaram os mesmos perfis alélicos, entretanto possuem características morfo-agronômicas e genealogias distintas, portanto um ou ambos os acessos não estão corretamente identificados.
13. A análise indireta baseada em pedigree demonstrou que os acessos 'Ângelo Pirovano', 'BRS Rubea', 'CG 33716', 'Feal' e 'Ferlongo' apresentaram perfis moleculares diferentes de um ou ambos parentais, evidenciando erros nos nomes de registro desses acessos na coleção.
14. Dez sinonímias foram confirmadas: 'Tinta Roriz' e 'Tempranillo', 'Thompson Seedless' e 'Sultanina Branca', 'Thompson Seedless' e 'Catalunha', 'Emperatriz' e 'CG28467', 'Aurora' e 'IAC 77526', 'Damarim' e 'CG 40016', 'Dacari' e 'CG 102024', 'Moscatuel' e 'CG 102295', 'Emperatriz' e 'CG 28467', 'Baviera' e 'CG26916'. Entre estes, as denominações 'Damarim', 'Dacari' e 'Baviera' constituem nomes ainda não registrados nas bases de dados (*Vitis International Variety Catalogue*). Apenas um dos acessos de cada par deverá ser mantido na coleção de germoplasma da Embrapa Semi-Árido.
15. Os acessos 'BRS Morena', 'CG38049', 'CG 26858', 'Marroo Seedless', 'Moscatel Nazareno' e 'Reliance' apresentaram perfis alélicos que corresponderam aos perfis de ambos parentais, estando corretamente identificados na coleção, eles podem ser utilizados como referências validadas.

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGRIANUAL 2008. Anuário da Agricultura Brasileira. São Paulo: FNP Consultoria. 502p., 2008.
- 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.
- ALLEWELDT, G.; DETTWEILER, E. **The resources of Vitis: world list of grapevine collections**. 2nd ed., Geilweilwehof, 1994.
- 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.
- ARADHYA, M. K.; DANGL, G. S.; PRINS, B. H.; BOURSQUOT, J.; WALKER, M. A.; MEREDITH, C. P.; SIMON, C. J. Genetic structure and differentiation in cultivated grape, *Vitis vinifera* L. **Genetical Research**, Cambridge, v. 81, p. 179–192, 2003.
- ARNOLD, C.; ROSSETTO, M.; MCNALLY, J.; HENRY, R. J. The application of SSRs characterized for grape (*Vitis vinifera*) to conservation studies in Vitacea. **American Journal of Botany**, Bronx, v. 89, n. 1, p. 22-28, 2002.
- ASHLEY, D. Preservation of genetic diversity and accession integrity. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 29, p. 205-224, 1992.
- BAILEY, L. H. The species of grapes peculiar to North America. **Gentes Herbarum**, Ithaca, v. 3, p. 150-244, 1934.
- BORREGO, J.; ANDRÉS, M. T. de; GÓMEZ, J. L.; IBÁÑEZ, J. Genetic study of Malvasia and Torrontes groups through molecular markers. **American Journal Enology and Viticulture**, Davis, v. 53, n. 2, p. 125-130, 2002.
- BOSELLI, M.; CORSO, C.; MONACO, A. Amplographic characterization of white grape varieties in Campania (Southern Italy) by multivariate analysis. **Acta Horticulturae**, Leuven, n. 528, p. 75-81, 2000.

BOURQUIN, J. C.; OTTEN, L.; WALTER, B. Identification of grapevine rootstocks by RFLP. **Comptes Rendus des Seances de l'Academie des Sciences** - Serie III, Paris, v. 312, p. 593-598, 1991.

BOURQUIN, J. C.; OTTEN, L.; WALTER, B. PCR-RFLP analysis of *Vitis*, *Ampelopsis* and *Parthenocissus* and its application to the identification of rootstocks. **Vitis**, Siebeldingen, 34: 2: 103-108, 1995.

BOURQUIN, J. C.; SONKO, A.; OTTEN, L.; WALTER, B. Restriction fragment length polymorphism and molecular taxonomy in *Vitis vinifera* L. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 87, p. 431-438, 1993.

BOURQUIN, J. C.; TOURNIER, P.; OTTEN, L.; WALTER, B. Identification of sixteen grapevine rootstocks by RFLP analysis of nuclear DNA extracted from the wood. **Vitis**, Siebeldingen, v. 31, p. 157-162, 1992.

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.

BOWCOCK, A. M.; RUIZ-LINARES, A.; TOMFOHRDE, J.; MINCH, E.; KIDD, J. R.; CAVALLI-SFORZA, L. L. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. **Nature**, London, v. 368, p. 455-457, 1994.

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, 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 locos in grape (*Vitis vinifera* L.). **Genome**, Ottawa, v. 39, p. 628-633, 1996.

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

CABEZAS, J. A.; CERVERA, M. T.; ARROYO-GARCÍA, R.; IBÁÑEZ, J.; RODRÍGUEZ-TORRES, I.; BORREGO, J.; CABELLO, F.; MARTÍNEZ-ZAPATER, J. M. Garnacha and Garnacha Tintorera: genetic relationships and the origin of teinturier varieties cultivated in Spain. **American Journal of Enology and Viticulture**, Davis, v. 54, n. 4, p. 237-245, 2003.

CAIXETA, E. T.; OLIVEIRA, A. C. B. de; BRITO, G. G. de; SAKIYAMA, N. S. Tipos de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. (Ed.). **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV. 2006. p. 9-78.

CAMARGO, U. A.; DIAS, M. F. BRS Rubea. Bento Gonçalves: EMBRAPA-CNPV, 1999. p. 1-4 (EMBRAPA-CNPV. Comunicado Técnico, 33).

CAMARGO, U. A.; MANDELLI, F. **Vênus**: uva precoce para mesa. Bento Gonçalves: EMBRAPA-CNPV, 1993. 4 p. (EMBRAPA-CNPV. Comunicado Técnico, 13).

CARREÑO, J.; MARTINEZ, A.; ALMELA, L.; FERNANDEZ-LOPES, J. A. Proposal of an index for the objective evaluation of the colour of table grapes. **Food Research International**, Ottawa, v. 28, p. 373-377, 1995.

CAVALLI-SFORZA, L. L.; EDWARDS, A. W. F. Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 19, n. 3, p. 233-257, 1967.

CERVERA, M. T.; CABEZAS, J. A.; SANCHA, J. C.; MARTÍNEZ DE TODA, F.; MARTÍNEZ-ZAPATER, J. M. Application of AFLPs to the characterization of grapevine *Vitis vinifera* L. genetic resources. A case study with accessions from Rioja (Spain). **Theoretical and Applied Genetic**, New York, v. 97, p. 51-59, 1998.

CERVERA, M. T.; CABEZAS, J. A.; SÁNCHEZ-ESCRIBANO, E.; CENIS, J. L.; MARTÍNEZ-ZAPATER, J. M. Characterization of genetic variation within table grapes varieties (*Vitis vinifera* L.) based on AFLP markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 39, n. 3, p. 109-114, 2000.

COELHO, I.; CUNHA, J.; CUNHA, J. P.; CARNEIRO, L. C.; CASTRO, R.; EIRA DIAS, J. E. Comparação ampelométrica de populações selvagens de *Vitis vinifera* e de castas antigas do sul de Portugal. **Ciência e Técnica Vitivinícola**, Dois Portos, v. 19, n. 1, p. 1-12, 2004.

COSTA, A. F. da. **Avaliação de características agronômicas em variedades e de diversidade molecular em variedades, híbridos e espécies de videira**. 2004. 95 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes.

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.

- CRAVERO, M. C.; GUIDONI, S.; SCHNEIDER, A.; STEFANO, R. di. Morphological and biochemical characterization of coloured berry-muscat grapevine cultivars. **Vitis**, Siebeldingen, v. 33, n. 2, p. 75-80, 1994.
- CRESPAN, M. The parentage of Muscat of Hamburg. **Vitis**, Siebeldingen, v. 42, n. 4, p. 193-197, 2003.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. de S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, 480 p.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes - Análise multivariada e simulação**. 1ª ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2006. v. 1. 175 p.
- 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, 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.; 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.
- DICE, L. R. Measures of the amount of ecologic association between species. **Ecology**, Tempe, v. 26, p. 297-302, 1945.
- FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3. ed. New York: Longman, 1989. 489 p.
- FANIZZA, G.; CHAABANE, R.; LAMAJ, F.; RICCIARDI, L.; RESTA, P. AFLP analysis of genetic relationships among aromatic grapevines (*Vitis vinifera*). **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 107, p. 1043-1047, 2003b.
- FANIZZA, G.; CHAABANE, R.; RICCIARDI, L.; RESTA, P. Analysis of a spontaneous mutant and selected clones of cv. Italia (*Vitis vinifera*) by AFLP markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 42, n.1, p. 27-30, 2003a.
- FANIZZA, G.; CORONA, M. G.; RESTA, P. Analysis of genetic relationships among Muscat grapevines in Apulia (South Italy) by RAPD markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 39, p. 159-161, 2000.

- 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.
- FATAHI, R.; EBADI, A.; VEZVAEI, A.; ZAMANI, Z.; GHANADHA, M. R. Relationship among quantitative and qualitative characters in 90 grapevine (*Vitis vinifera*) cultivars. *Acta Horticulturae*, Leuven, n. 640, p. 275-282, 2004.
- 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.
- FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed. Brasília, DF: Embrapa Recursos genéticos e Biotecnologia, 1998. 220 p. il. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Documentos, 20).
- GALET, P. **Cepages et vignobles de France**. 2. ed. Montpellier : Dehan, 1988. v. 1, 533 p.
- GALET, P. **Grape varieties and rootstocks varieties**. Paris: Oenoplurimédia, 1998. 315 p.
- GOTO-YAMAMOTO, N.; MOCHIOKA, R.; BONIAN, L.; HASHIZUME, K.; UMEDA, N.; HORIUCHI, S. RFLP and RAPD analysis of wild cultivated grapes (*Vitis* spp.). *Journal of the Japanese Society for Horticultural Sciences*, Tokyo, v. 67, p. 483-490, 1998.
- GRANDO, M. S.; FRISINGHELLI, C. Grape microsatellite markers: sizing of DNA alleles and genotype analysis of some grapevine cultivars. *Vitis*, Siebeldingen, v. 37, n. 2, p. 79-82, 1998.
- GRASSI, F.; IMAZIO, S.; FAILLA, O.; SCIENZA, A.; OCETE RUBIO, R.; LOPEZ, M. A.; SALA, F.; LABRA, M. Genetic isolation and diffusion of wild grapevine italian and spanish populations as estimated by nuclear and chloroplast SSR analysis. *Plant Biology*, Stuttgart, v. 5, p. 608-614, 2003.
- GUERRA, B.; MEREDITH, C. P. Comparison of *Vitis berlandieri* x rootstocks cultivars by restriction fragment length polymorphism analysis. *Vitis*, Siebeldingen, v. 34, n. 2, p. 109-112, 1995.
- HERRERA, R.; CARES, V.; WILKINSON, M. J.; CALIGARI, P. D. S. Characterization of genetic variation between *Vitis vinifera* cultivars from central Chile using RAPD and Inter simple sequence repeat markers. *Euphytica*, Wageningen, v. 124, p. 139-145, 2002.

HOCQUIGNY, S.; PELSY, F.; DUMAS, V.; KINDT, S.; HELOIR, M-C.; MERDINOGLU, D. Diversification within grapevine cultivars goes through chimeric states. **Genome**, Ottawa, v. 47, p. 579-589, 2004.

HODGKIN, T.; ROVIGLIONI, R.; DE VICENTI, M. C.; DUDNICK, N. Molecular methods in the conservation and use of plant genetic resources. **Acta Horticulturae**, Leuven, n. 546, p.107-118, 2001.

IBÁÑEZ, J.; ANDRÉS, M. T. de; MOLINO, A.; BORREGO, J. Genetic study of key spanish grapevine varieties using microsatellite analysis. **American Journal of Enology and Viticulture**, Davis, v. 54, n. 1, p. 22-29, 2003.

IBRAF. Frutas frescas: exportações. Disponível em: http://www.ibraf.org.br/estatisticas/est_frutas.asp. Acesso em: 20/06/2008.

IMAZIO, S.; LABRA, M.; GRASSI, F.; SCIENZA, A.; FAILLA, O. Chloroplast microsatellites to investigate the origin of grapevine. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, V. 53, p. 1003-1011, 2006.

INOVA NORDESTE. **Iniciativas estratégicas para apoiar inovações no Nordeste. Segmento: Fruticultura irrigada/Vitivinicultura**. Relatório final. CGEE/ FADE UFPE, Recife, PE, 2005. 43p.

INTERNATIONAL PLANT GENETIC RESOURCES INSTITUTE. **Descriptors for grapevine: Vitis spp.** Roma, 1997. 62 p. il.

INTRIERI, C.; SILVESTRONI, O.; FILIPETTI, I.; BUCCHETTI, B. Assessment of a cv. Sangiovese clone's morphological variability in differing environmental and management conditions. **Advances in Horticultural Science**, Firenze, v. 15, n. 1/4, p. 79-84, 2001.

JACCARD, P. Nouvelles recherches sur la distribution florale. **Bulletin de la Société Vandoise des Sciences Natureles**, v. 44, p. 223-270, 1908.

KARP, A. The new genetic era: will it help us in managing genetic diversity? In: ENGELS, J. M. M., RAMANATHA, R. V.; BROWN, A. H. D.; JACKSON, M. T. (Ed.). **Managing plant genetic diversity**. Wallingford: CAB International; Rome: IPGRI, 2002. cap. 4, p. 43-56.

KARP, A.; KRESOVICH, S.; BHAT, K. V.; AYAD, W. G.; HODGKIN, T. **Molecular tools in plant genetic resources conservation: a guide to the technologies**. Rome: IPGRI, 1997. 47 p. il. (IPGRI. Technical Bulletin, 2).

KOCSIS, M.; JÁROMI, L.; PUTNOKY, P.; KOZMA, P.; BORHIDI, A. Genetic diversity among twelve grape cultivars indigenous to the Carpathian Base revealed by RAPD markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 44, n. 2, p. 87-91, 2005.

KOZJAK, P.; KOROSEC-KORUZA, Z.; JAVORNIK, B. Characterization of cv. Refošk (*Vitis vinifera* L.) by SSR markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 42, n. 2, p. 83-86, 2003.

KRUSKAL, J. B. Multidimensional scaling by optimizing goodness of fit to a nonmetric hypothesis. **Psychometrika**, v.29, p.1-27.1964.

LABRA, M.; IMAZIO, S.; GRASSI, F.; ROSONI, M.; CITTERIO, S.; SGORBATI, S.; SCIENZA, A.; FAILLA, O. Molecular approach to assess th origin of cv. Marzemino. **Vitis**, Siebeldingen, v. 42, n. 3, p.137-140, 2003.

LAHOUE, F.; THIS, P.; BOUQUET, A. Identification of a codominant scar marker linked to the seedless character in grapevine. **Theoretical Applied Genetics**, New York, v. 97, p.950-959, 1998.

LAMBOY, W. F.; ALPHA, C. G. Using simple sequence repeats (SSRs) for DNA fingerprinting germoplasm accessions of grape (*Vitis*) species. **Journal American Society Horticultural Science**, Mount Vernon, v. 123, n. 2, p. 182-188, 1998.

LEÃO, P. C. de S. Comportamento de cultivares de uva sem sementes no Submédio São Francisco. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 24, n. 3, p. 734-737, 2002 .

LEFORT, F.; ROUBELAKIS-ANGELAKIS, K. A. Genetic comparison of greek cultivars of *Vitis vinifera* L. by nuclear microsatellite profiling. **American Journal of Enology and Viticulture**, Davis, v. 52, p. 101-108, 2001.

LIMA, M. F.; FERREIRA, M. A. S. V.; MOREIRA, W. A.; DIANESE, J.C. Bacterial canker of grapevine in Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v. 24, n. 3, p. 440-443, 1999.

LODHI, M. A.; YE, G. N.; WEEDEN, N. F.; REISCH, B. I. A simple and efficient method for DNA extraction from grapevine cultivars, *Vitis* species and *Ampelopsis*. **Plant Molecular Biology Reporter**, Georgia, v. 12, n.1, p. 6-13, 1994.

LOPES, M. S.; SANTOS, M. R. dos; DIAS, J. E. E.; MENDONÇA, D.; MACHADO, A. da C. Discrimination of portuguese grapevines based on microsatellite markers. **Journal of Biotechnology**, Amsterdam, v. 127, p. 34-44, 2006.

LOPES, M. S.; SEFC, K. M.; EIRA DIAS, E.; STEINKELLNER, H.; MACHADO, M. L. da C. The use of microsatellites for germoplasm management in a portuguese grapevine collection. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 99, p. 733-739, 1999.

LUO, S.; HE, P. Discrimination of wild grapes native to China by RAPD markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 40, n. 3, p. 163-168, 2001.

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.

MAIA, S. H. Z. **Diversidade genética em uvas finas de mesa (*V. vinifera* L.)**. 2003. 35 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá

MALETIC, E.; SEFC, K. M.; STEINKELLNER, H.; KONTIC, J. K.; PEJIC, I. Genetic characterization of Croatian grapevine cultivars and detection of synonymous cultivars in neighboring regions. **Vitis**, Siebeldingen, v. 38, p. 79-83, 1999.

MARTÍN, J. P.; BORREGO, J.; CABELLO, F.; ORTIZ, J. M. Characterization of spanish grapevine cultivar diversity using sequence-tagged microsatellite site markers. **Genome**, Ottawa, v. 46, p.10-18, 2003.

MARTÍN, J. P.; SANTIAGO, J. L.; PINTO-CARNIDE, O.; LEAL, F.; MARTÍNEZ, M. del C.; ORTIZ, J. M. Determination of relationships among autochthonous grapevine varieties (*Vitis vinifera* L.) in the Northwest of the Iranian peninsula by using microsatellite markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 53, p. 1255-1261, 2006.

MARTINELLO, G. E.; LEAL, N. R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; DAHER, R. F. Divergência genética em acessos de quiabeiro com base em marcadores morfológicos. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 20, n. 1, p. 52-58, mar. 2002.

MARTÍNEZ, L. E.; CAVAGNARO, P. F.; MASUELLI, R. W.; RODRÍGUEZ, J. Evaluation of diversity among Argentine grapevine (*V. vinifera* L.) varieties using morphological data and AFLP markers. **EJB - Eletronic Journal of Biotechnology**, Valparaíso, v. 6, n. 3, p. 244-253, 2003.

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, p. 1036-1044, 2006.

MATHEOU, A.; STAVROPOULOS, N.; SAMARAS, S. Studies on table grape germplasm grown in Northern Greece. I. Maturity time, bunch characteristics and yield. **Vitis**, Siebeldingen, v. 34, n. 3, p. 155-158, 1995a.

MATHEOU, A.; STAVROPOULOS, N.; SAMARAS, S. Studies on table grape germplasm grown in Northern Greece. II. Seedlessness, berry and must characteristics. **Vitis**, Siebeldingen, v. 34, n. 4, p. 217-220, 1995b.

MERDINOGLU, D.; BUTTERLIN, G.; BEVILACQUA, L.; CHIQUET, V.; ADAM-BLONDOM, A. F.; DECROOCQ, S. Development and characterization of a large set of microsatellite markers in grapevine (*Vitis vinifera* L.) suitable for multiplex PCR. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 15, p. 349-366, 2005.

MERDINOGLU, D.; BUTTERLIN, G.; BAUR, C.; BALTHAZARD, J. Comparison of RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for genetic diversity analysis in *Vitis vinifera* L. **Acta Hort.**528:193-195, 2000.

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.

MICHELI, L. de; CAMPOSTRINI, F.; IACONO, F.; STEFANINI, M. Evaluation of genetic divergence among clones by means of phyllometric techniques. **Vignevine**, Bologna, v. 20, n. 12, p. 64-69, 1993.

MOHAMMAD, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of genetic diversity in crop plants: salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, Madison, v. 432, p. 1235-1248, 2003.

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

NASCIMENTO FILHO, F. J. do; ATROCH, A. L.; SOUZA, N. R. de; GARCIA, T. B.; CRAVO, M. da S.; COUTINHO, E. F. Divergência genética entre clones de guaranazeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 36, n. 3, p. 501-506, 2001.

NASCIMENTO, A. R. P.; MICHEREFF, S. J.; MARIANO, R. de L. R.; VIANA, I. de O. Reação de clones de videira a *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*, baseada nos componentes epidemiológicos do cancro bacteriano. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 1, p.1-7, 2006.

NEI, M. Genetic distance between populations. **Am. Nat.**, n.106, p.283-292, 1972.

NEI, M.; TAJIMA, F.; TATENO, Y. Accuracy of estimated phylogenetics trees from molecular data. II- Gene frequency data. **J. Mol. Evol.**, n.19, p.153-170, 1983.

NÚÑEZ, Y.; FRESNO, J.; TORRES, V.; PONZ, F.; GALLEGU, F. J. Practical use of microsatellite markers to manage *Vitis vinifera* germoplasm: molecular identification of grapevine samples collected blindly in D.O. "El Bierzo" (Spain). **Journal of Horticultural Science & Biotechnology**, Ashford, v. 79, n. 3, p. 437-440, 2004.

OLIVEIRA, F. J. de O.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J. da A.; BASTOS, G. Q.; REIS, O. V. dos. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 38, n. 5, p. 605-611, 2003.

OLIVEIRA, L. B. **Alternativas na escolha dos parentais em um programa de melhoramento do feijoeiro**. 1995. 60 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.

OLIVEIRA, P. R. D. de; SCOTTON, D. C.; NISHIMURA, D. S.; FIGUEIRA, A. Análise da diversidade genética por AFLP e identificação de marcadores associados à resistência a doenças em videira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 27, n. 3, 454-457, 2005.

ORGANIZACIÓN INTERNACIONAL DE LA VIÑA Y EL VINO. Estadística. Informe del director general sobre la situación de la vitivinicultura em 2007. http://news.reseau-concept.net/pls/news/p_entree?i_sid=&i_type_edition_id=20869&i_section_id=20871&i_lang=33. Acesso em 20/06/2008.

OWENS, C. L. SNP detecction an genotyping in *Vitis*. **Acta Horticulturae**, Leuven, n. 603, p.139-140, 2003.

PAINTING, K. A.; PERRY, M. C.; DENNING, R. A.; AYAD, W.G. **Guía para la documentación de recursos genéticos**. Rome: IPGRI: Consejo Internacional de Recursos Fitogenéticos, 1993. 310 p.

PINTO-CARNIDE, O.; MARTIN, J. P.; LEAL, F.; CASTRO, I.; GUEDES-PINTO, H.; ORTIZ, J. M. Characterization of grapevine (*Vitis vinifera* L.) cultivars from northern Portugal using RAPD and microsatellite markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 42, p. 23-25, 2003.

PIRES, E. J. P.; SAWAZAKI, H. E.; TERRA, M. M. Redimeire: nova mutação da uva 'Itália'. **O Agrônômico**, Campinas, v, 53, p. 2, p. 16, 2001.

POMMER, C. V.; FERRI, C. P.; MARTINS, F. P.; PASSOS, I. R. S.; TERRA, M. M.; PIRES, E. J. P. Agronomic and phenological characterization of grape genotypes kept in collection at Jundiá, Brazil. *Acta Horticulturae*, 523: 211-219, 2000.

POMMER, C. V. Uva . In: FURLANI, A. M. C.; VIEGAS, G. P. (Ed.) **O melhoramento de plantas no Instituto Agrônômico**. Campinas: Instituto Agrônômico, 1993. v. 1, p. 489-524.

RAMANATHA RAO, V.; HODGKIN, T. Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, Hague, v. 68, p. 1-19, 2002.

RAO, N. K. Plant genetic resources: advancing conservation and use through biotechnology. **African Journal of Biotechnology**, Nairobi, v.3, n. 2, p. 136-145, 2004.

REIF, J. C.; MELCHINGER, A. E.; FRISCH, M. Genetical and mathematical properties of similarity and dissimilarity coefficients applied in plant breeding and seed bank management. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 1-7, 2005.

REYNOLDS, J.; WEIR, B. S.; COCKERHAM, C. C. Estimation of the coancestry coefficient: Basis for a short-term genetic distance. **Genetics**, n.105, p.767-779, 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.; DOLIGEZ, 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.; GARRISON, K. E.; DANGL, G. S. Genetic divergence and chimerism within ancient asexually propagated winegrape cultivars. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Mount Vernon, v. 127, n. 4, p. 508-514, 2002.

ROGERS, J, S. Measures of genetic similarity and genetic distance. p.145-153, In: **Studies in genetics** VII. Publ.7213. Univ. of Texas, Austin, 1972

SALMASO, M.; FAES, G.; SEGALA, C.; STEFANINI, M.; SALAKHUTDINOV, I.; ZYPRIAN, E.; TOEPFER, R.; GRANDO, M. S.; VELASCO, R. Genome diversity and gene haplotypes in the grapevine (*Vitis vinifera* L.) as revealed by single nucleotide polymorphisms. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 14, p. 385-395, 2004.

SÁNCHEZ-ECRIBANO, E. M.; MARTÍN, J. P.; CARREÑO, J.; CENIS, J. L. Use of sequence-tagged microsatellite site markers for characterizing table grape cultivars. **Genome**, Ottawa, v. 42, p. 87-93, 1999.

SAWAZAKI, H. E.; POMMER, C. V.; PASSOS, I. R. da S.; TERRA, M. M.; PIRES, E. J. P. Identificação de parentais e híbridos entre *Vitis vinifera* e *Vitis rotundifolia* utilizando polimorfismo enzimático e marcador RAPD. **Bragantia**, Campinas, v. 55, n. 2, p. 221-230, 1996.

SCHNEIDER, A.; CARRA, A.; AKKAK, A.; THIS, P.; LAUCOU, V.; BOTTA, R. Verifying synonymies between grape cultivars from France and Northwestern Italy using molecular markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 40, p. 197-203, 2001.

SCOTT, K. D.; ABLETT, E. M.; LEE, L. S.; HENRY, R. J. AFLP markers distinguishing an early mutant of Flame Seedless grape. **Euphytica**, Wageningen, v. 113, p. 245-249, 2000.

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**, Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 2001. p. 433-463.

SEFC, K. M.; LOPES, M. S.; LEFORT, F.; BOTTA, R.; ROUBELAKIS-ANGELAKIS, K. A.; IBÁÑEZ, J.; PEJIC, I.; WAGNER, H. W.; GLÖSSL, J.; STEINKELLNER, H. Microsatellite variability in grapevine cultivars from different European regions and evaluation of assignment testing to assess the geographic origin of cultivars. **Theoretical and Applied Genetic**, New York, v. 100, p. 498-505, 2000.

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, p. 367-373, 1999.

SEFC, K. M.; REGNER, F.; GLÖSSL, J.; STEINKELLNER, H. Genotyping of grapevine and rootstock cultivars using microsatellite markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 37, n. 1, p. 15-20, 1998.

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

SILVA, F. C. C. da. **Avaliação de características dos frutos, diversidade genética e detecção de marcas moleculares associadas ao gene da apirenia em variedades de videira**. 2006. 74 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos.

SILVESTRONI, O.; DI PIETRO, D.; INTRIERI, C.; VIGNANI, R.; FILIPPETTI, I.; DEL CASINO, C.; SCALI, M.; CRESTI, M. Detection of genetic diversity among clones of cv.

Fortana (*Vitis vinifera* L.) by microsatellite DNA polymorphism analysis. **Vitis**, Siebeldingen, v. 36, n. 3, p. 147-150, 1997.

STAUB, J. E.; BOX, J.; MEGLIC, V.; HOREJSI, R.; MCCREIGHT, J. D. Comparison of isozyme and random amplified polymorphic DNA data for determining intraespecific variation in *Cucumis*. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 44, p. 257-269, 1997.

STAVRAKAKIS, M. N.; BINIARI, K. Genetic study of grape cultivars belonging to the muscat family by random amplified polymorphic DNA markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 37, n. 3, p. 119-122, 1998.

STAVRAKAKIS, M. N.; BINIARI, K.; HATZOPOULOS, P. Identification and discrimination of eight Greek grape cultivars (*Vitis vinifera* L.) by random amplified polymorphic DNA markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 36, p. 175-178, 1997.

STRIEM, M. J.; SPIEGEL-ROY, P.; BEN-HAYYIM, G.; BECKMAN, J.; GIDONI, D. Genomic DNA fingerprinting of *Vitis vinifera* by the use of multi-locos probes. **Vitis**, Siebeldingen, v. 29, p. 223-227, 1990.

TAMHANKAR, S. A.; PATIL, S. G.; RAO, V. S. Assessment of the genetic diversity of some important grape genotypes in India using RAPD markers. **Vitis**, Siebeldingen, v. 40, n. 3, p. 157- 161, 2001.

TECHERA, A. G.; JUBANY, S.; DE LEON, I. P.; BOIDO, E.; DELLACASSA, E.; CARRAU, F. M.; HINRICHSSEN, P.; GAGGERO, C. Molecular diversity within clones of cv. Tannat. **Vitis**, Siebeldingen, v. 43, n. 4, p. 179-185, 2004.

THIS, P.; CUISSET, C.; BOURSQUOT, J. M. Development of stable RAPD markers for the identification of grapevine rootstocks and the analysis of genetic relationships. **American Journal of Enology and Viticulture**, Davis, v. 48, p. 492-501, 1997.

THIS, P.; JUNG, A.; BOCCACCI, P.; BORREGO, P.; BOTTA, R.; COSTANTINI, L.; CRESPIAN, M.; DANGL, G. S.; EISENHELD, 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 Genetic**, New York, v. 109, 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 Genetic**, New York, v. 86, 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 Genetic**, New York, v. 86, p. 985-990, 1993.

ULANOVSKY, S.; GOGORCENA, Y.; MARTÍNEZ DE TODA, F.; ORTIZ, J. M. Use of molecular markers in detection of synonymies and homonymies in grapevines (*Vitis vinifera* L.). **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 92, p. 241-254, 2002.

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, 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.

VIDAL, J. R.; COARER, M.; DEFONTAINE, A. Genetic relationships among grapevine varieties grown in different French and Spanish region based on RAPD markers. **Euphytica**, Wageningen, v. 109, p.161-172, 1999.

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.

VILELA MORALES, E. A.; VALOIS, A. C. C.; NASS, L. L. **Recursos genéticos vegetales**. Brasília, DF: EMBRAPA-SP: EMBRAPA-CENARGEN, 1997. 78 p.

VITIS INTERNATIONAL VARIETY CATALOGUE. Database search. Cultivar name. Disponível em: <http://www.vivc.bafz.de/index.php>. Acesso em 10/05/2007.

VOS, P.; HOGERS, R.; BLEEKER, M.; RIJANS, M.; VAN DE LEE, T.; HORNES, M.; FRIJTERS, A.; POT, J.; PELEMAN, J.; KUIPER, M.; ZABEAU, M. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 23, p. 4407-4414, 1995.

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 Genetic**, New York, v. 107, p. 448-454, 2003.

VOUILLAMOZ, J. F.; MCGOVERN, P. E.; ERGUL, A.; SÖYLEMEZOGLU, G.; TEVZADZE, G.; MEREDITH, C. P. GRANDO, S. Genetic characterization and relationships of traditional grape cultivars from Transcaucasia and Anatolia. **Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization**, Cambridge, v. 4, n. 2, p. 114-158, 2006.

WARD, J. H. Jr. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of The American Statistical Association**, Washington, v. 58, p. 236-244, 1963.

WESTMAN, A. L.; KRESOVICH, S. Use of molecular marker techniques for description of plant genetic variation. In: CALLOW, J. A.; FORD-LLOYD, B. V.; NEWBURY, H. J. (Ed). **Biotechnology and plant genetic resources conservation and use**. New York: CAB International, 1997. p. 9-49. (Biotechnology in Agriculture Series, 19).

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

YUSTE, J.; MARTÍN, J. P.; RUBIO, J. A.; HIDALGO, E.; RECIO, P.; SANTANA, J. C.; ARRANZ, C.; ORTIZ, J. M. Identification of autochthonous grapevine varieties in the germoplasm collection at the ITA of 'Castilla y León' in Zamadueñas Station, Valladolid, Spain. **Spanish Journal of Agricultural Research**, Madrid, v. 4, n. 1, p. 31-36, 2006.

ZOGLHAMI, N.; MLIKI, A.; GHORBEL, A. Evaluation of genetic diversity among Tunisian grapevines by RAPD markers. **Vitis** 40:31-37, 2001.