



**Benedito Rodrigues da Silva Neto**  
**(Organizador)**

# **Inventário de Recursos Genéticos**



**Atena**  
Editora  
Ano 2019

Benedito Rodrigues da Silva Neto  
(Organizador)

# Inventário de Recursos Genéticos

Atena Editora  
2019

2019 by Atena Editora  
Copyright © Atena Editora  
Copyright do Texto © 2019 Os Autores  
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora  
Editora Executiva: Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Antonella Carvalho de Oliveira  
Diagramação: Natália Sandrini  
Edição de Arte: Lorena Prestes  
Revisão: Os Autores

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

### **Conselho Editorial**

#### **Ciências Humanas e Sociais Aplicadas**

Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas  
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná  
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília  
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Cristina Gaio – Universidade de Lisboa  
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia  
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice  
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande  
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

#### **Ciências Agrárias e Multidisciplinar**

Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul  
Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná  
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista  
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul  
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará  
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

#### **Ciências Biológicas e da Saúde**

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás  
Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina  
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria  
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará

Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte  
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão  
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

### **Ciências Exatas e da Terra e Engenharias**

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto  
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná  
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará  
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte  
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

### **Conselho Técnico Científico**

Prof. Msc. Abrãao Carvalho Nogueira – Universidade Federal do Espírito Santo  
Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – Ordem dos Advogados do Brasil/Seccional Paraíba  
Prof. Msc. André Flávio Gonçalves Silva – Universidade Federal do Maranhão  
Prof.ª Drª Andreza Lopes – Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento Acadêmico  
Prof. Msc. Carlos Antônio dos Santos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro  
Prof. Msc. Daniel da Silva Miranda – Universidade Federal do Pará  
Prof. Msc. Eliel Constantino da Silva – Universidade Estadual Paulista  
Prof.ª Msc. Jaqueline Oliveira Rezende – Universidade Federal de Uberlândia  
Prof. Msc. Leonardo Tullio – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Prof.ª Msc. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal  
Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

<b>Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)</b>	
162	<p>Inventário de recursos genéticos [recurso eletrônico] / Organizador Benedito Rodrigues da Silva Neto. – Ponta Grossa, PR: Atena Editora, 2019.</p> <p>Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader Modo de acesso World Wide Web Inclui bibliografia ISBN 978-85-7247-486-3 DOI 10.22533/at.ed.863191807</p> <p>1. Evolução humana. 2. Genética da população humana. I. Silva Neto, Benedito Rodrigues da.</p> <p style="text-align: right;">CDD 575.1</p>
<b>Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422</b>	

Atena Editora  
Ponta Grossa – Paraná - Brasil  
[www.atenaeditora.com.br](http://www.atenaeditora.com.br)  
contato@atenaeditora.com.br

## APRESENTAÇÃO

O termo “genética” nos últimos anos ganhou uma conotação cada vez mais importante e acessível à população. Podemos dizer que a genética saiu da rotina laboratorial e da sala de aula para adentrar as casas da população, seja por informação ou na forma de produto. Isso porque a revolução tecnológica contribuiu grandemente com o avanço no campo da pesquisa básica e aplicada à genética, e as descobertas propiciadas por tecnologias mais apuradas possibilitaram um entendimento mais amplo desta importante área.

A genética como sabemos possui um campo vasto de aplicabilidades que podem colaborar e cooperar grandemente com os avanços científicos e tecnológicos. O acelerado mundo das descobertas científicas caminha a passos largos e rápidos no sentido de transformar a pesquisa básica em aplicada, portanto é relevante destacar que investimentos e esforços nessa área contribuem grandemente com o desenvolvimento de uma nação.

O livro “Inventários e Recursos Genéticos” aqui apresentado, aborda assuntos relativos aos avanços e dados científicos publicados de cunho voltado para a utilização dos recursos genéticos disponíveis na área ambiental, microbiológica dentre outras diversas que cientistas tem gastado esforços para compreender. Assim, são diversas as possibilidades de aplicações genéticas em diversos campos, neste livro tentaremos otimizar os conceitos dos recursos genéticos abordando plantas medicinais, segurança alimentar, sanidade animal, microrganismos patogênicos, identificação molecular, caracterização morfoagronômica, Banco de DNA, metabólitos secundários, melhoramento genético, análise multivariada, bioinformática, expressão de genes, viabilidade polínica, Germoplasma, recursos genéticos, cultivares, Qualidade de sementes; seleção de plantas; melhoramento genético da mamoneira, simulações em Easypop, fluxo gênico, fragmentação florestal, análise de diversidade genética de Nei, Coeficientes de endogamia, demonstrando ferramentas genéticas e moleculares usadas em diferentes estudos que estão diretamente relacionados ao dia-a-dia da população.

Desejamos que este material possa somar de maneira significativa aos novos conceitos aplicados à genética. Parabenizamos cada autor pela teoria bem fundamentada aliada à resultados promissores, e principalmente à Atena Editora por permitir que o conhecimento seja difundido e disponibilizado para que as novas gerações se interessem cada vez mais pelo ensino e pesquisa em genética.

Benedito Rodrigues da Silva Neto

## SUMÁRIO

<b>CAPÍTULO 1</b> .....	<b>1</b>
CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA EM GENÓTIPOS DE TRIGO: PRESENÇA DE MICRONÚCLEOS E VIABILIDADE POLÍNICA	
Sandra Patussi Brammer Patrícia Frizon Elizandra Andréia Urio	
<b>DOI 10.22533/at.ed.8631918071</b>	
<b>CAPÍTULO 2</b> .....	<b>13</b>
CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO MORFOLÓGICA DA PARTE AÉREA DE ACESSOS DE <i>Psychotria ipecacuanha</i> (IPECA)	
Raphael Lobato Prado Neves Osmar Alves Lameira Ana Paula Ribeiro Medeiros Helaine Cristine Gonçalves Pires Mariana Gomes de Oliveira Carolina Mesquita Germano Fábio Miranda Leão	
<b>DOI 10.22533/at.ed.8631918072</b>	
<b>CAPÍTULO 3</b> .....	<b>25</b>
CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE <i>Staphylococcus aureus</i> E <i>Escherichia coli</i> ISOLADOS EM MEIOS CROMOGÊNICOS ORIUNDOS DE LEITE DE VACAS COM MASTITE SUBCLÍNICA	
Clarissa Varajão Cardoso Eunice Ventura Barbosa Alcir das Graças Paes Ribeiro Rossiane de Moura Souza Helena Magalhães Helena Carla Castro Maíra Halfen Teixeira Liberal	
<b>DOI 10.22533/at.ed.8631918073</b>	
<b>CAPÍTULO 4</b> .....	<b>38</b>
CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE MICRORGANISMOS ASSOCIADOS À PRODUÇÃO DE COMPOSTOS VOLÁTEIS	
Mariely Cristine dos Santos Juliana Vitória Messias Bittencourt Mariana Machado Fidelis Nascimento Luciano Medina-Macedo	
<b>DOI 10.22533/at.ed.8631918074</b>	
<b>CAPÍTULO 5</b> .....	<b>47</b>
CARACTERIZAÇÃO PRELIMINAR DE UMA POPULAÇÃO NATURAL DE <i>Physalis angulata</i> L. EM TERESINA-PI VISANDO A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES	
Hortência Kardec da Silva	
<b>DOI 10.22533/at.ed.8631918075</b>	

**CAPÍTULO 6 ..... 53**

COLEÇÕES DE PLANTAS ALIMENTÍCIAS NÃO CONVENCIONAIS NA UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA

Thiago Serravalle de Sá  
Carolina Santos Pinho  
Maíra Miele Oliveira Rodrigues de Souza  
Suzelir Souza Nascimento  
Adrielle Matos de Jesus  
Izabela Santos Dias de Jesus  
Jozimare dos Santos Pereira  
Maria Luiza Silveira de Carvalho  
Alessandra Selbach Schnadelbach  
José Geraldo de Aquino Assis

**DOI 10.22533/at.ed.8631918076**

**CAPÍTULO 7 ..... 66**

COMPARAÇÃO DE TEMPO E CUSTOS DE PROTOCOLOS DE EXTRAÇÃO DE DNA DE PLANTAS DO CERRADO: SUBSÍDIO PARA CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE DO BIOMA

Diego Cerveira de Souza  
Terezinha Aparecida Teixeira  
Carla Ferreira de Lima  
Vanessa Aparecida Caetano Alves

**DOI 10.22533/at.ed.8631918077**

**CAPÍTULO 8 ..... 76**

CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERES VEGETATIVOS E REPRODUTIVOS DE PIMENTEIRAS (*Capsicum* spp.)

Joanderson Marques Silva  
Allana Tereza Mesquita de Lima  
Alaide Silva de castro  
Ivanayra da Silva Mendes  
Larissa Pinheiro Alves  
Mayara Cardoso Araújo Lima  
Ramile Vieira de Oliveira  
Raquel Sobral da Silva  
Jardel Oliveira Santos

**DOI 10.22533/at.ed.8631918078**

**CAPÍTULO 9 ..... 84**

DESEMPENHO AGRONÔMICO E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMONEIRA PARA ALTA PRODUTIVIDADE

Sebastião Soares de Oliveira Neto  
Odila Friss Ebertz  
Maria Márcia Pereira Sartori  
Maurício Dutra Zanotto

**DOI 10.22533/at.ed.8631918079**

**CAPÍTULO 10 ..... 93**

DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE SUBAMOSTRAS DE PIMENTEIRAS (*Capsicum* spp.)  
CONSERVADAS EX SITU NO MARANHÃO

Joanderson Marques Silva  
Ivanayra da Silva Mendes  
Gabriela Nunes da Piedade  
Raquel Sobral da Silva  
Alaide Silva de Castro  
Allana Tereza Mesquita de Lima  
Larissa Pinheiro Alves  
Mayara Cardoso Araújo Lima  
Ramile Vieira de Oliveira  
Jardel Oliveira Santos

**DOI 10.22533/at.ed.86319180710**

**CAPÍTULO 11 ..... 106**

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE MACIEIRA DA  
EPAGRI

Filipe Schmidt Schuh  
Pedro Soares Vidigal Filho  
Marcus Vinicius Kvistchal  
Gentil Carneiro Gabardo  
Danielle Caroline Manenti  
Giseli Valentini

**DOI 10.22533/at.ed.86319180711**

**CAPÍTULO 12 ..... 118**

DOF: FATOR DE TRANSCRIÇÃO IMPORTANTE EM PLANTAS DE INTERESSE AGRONÔMICO

Tiago Benedito dos Santos  
Sílvia Graciele Hulse de Souza

**DOI 10.22533/at.ed.86319180712**

**CAPÍTULO 13 ..... 130**

FENOLOGIA REPRODUTIVA DE *Quassia amara* L. (SIMAROUBACEAE)

Ana Paula Ribeiro Medeiros  
Osmar Alves Lameira  
Raphael Lobato Prado Neves  
Carolina Mesquita Germano  
Helaine Cristine Gonçalves Pires  
Fábio Miranda Leão  
Mariana Gomes de Oliveira

**DOI 10.22533/at.ed.86319180713**

**CAPÍTULO 14 ..... 138**

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES DO GÊNERO RHINELLA (BUFONIDAE) DE  
OCORRÊNCIA NOS BIOMAS DO MEIO NORTE DO BRASIL

Sulamita Pereira Guimarães  
Aryel Moraes de Queiroz  
Elmary da Costa Fraga  
Maria Claudene Barros

**DOI 10.22533/at.ed.86319180714**

**CAPÍTULO 15 ..... 148**

INCIDÊNCIA DE ESPINHA BÍFIDA NO ESTADO DO MARANHÃO, PRÉ- E PÓS-FORTIFICAÇÃO DE FARINHAS COM ÁCIDO FÓLICO

Rômulo Cesar Rezzo Pires  
Vanalda Costa Silva  
Beatriz Fernanda Santos da Silva

**DOI 10.22533/at.ed.86319180715**

**CAPÍTULO 16 ..... 155**

MARCADORES MOLECULARES CONFIRMAM A OCORRÊNCIA DA OSTRA *Crassostrea rhizophorae* (GUILDING, 1828) NO LITORAL MARANHENSE

Rodolf Gabriel Prazeres Silva Lopes  
Ícaro Gomes Antônio  
Lígia Tchaika  
Maria Claudene Barros  
Elmary da Costa Fraga

**DOI 10.22533/at.ed.86319180716**

**CAPÍTULO 17 ..... 167**

PADRÕES PARA O CULTIVO DE HORTALIÇAS EM ESPAÇOS RESIDENCIAIS NO INTERIOR DO MARANHÃO

Alaide Silva de castro  
Larissa Pinheiro Alves  
Mayara Cardoso Araújo Lima  
Ramile Vieira de Oliveira  
Allana Tereza Mesquita de Lima  
Ivanayra da Silva Mendes  
Gabriela Nunes da Piedade  
Joanderson Marques Silva  
Raquel Sobral da Silva  
Jardel Oliveira Santos

**DOI 10.22533/at.ed.86319180717**

**CAPÍTULO 18 ..... 174**

RECEPTIVIDADE ESTIGMÁTICA, VIABILIDADE E GERMINAÇÃO *IN VITRO* DO PÓLEN DA ESPÉCIE *Delonix regia* (Bojerex Hook.) Raf. NA UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA – UEFS

Hortência Kardec da Silva  
Jéssica Barros Andrade  
Joseane Inácio da Silva Moraes  
Katiane Oliveira Porto

**DOI 10.22533/at.ed.86319180718**

**CAPÍTULO 19 ..... 185**

RECURSOS GENÉTICOS DE VIDEIRA NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

Patrícia Coelho de Souza Leão

**DOI 10.22533/at.ed.86319180719**

<b>CAPÍTULO 20</b> .....	<b>194</b>
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMONEIRA PARA ALTA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES	
Sebastião Soares de Oliveira Neto	
Odila Friss Ebertz	
Larissa Chamma	
Maria Márcia Pereira Sartori	
Maurício Dutra Zanotto	
<b>DOI 10.22533/at.ed.86319180720</b>	
<b>CAPÍTULO 21</b> .....	<b>204</b>
USO DE DADOS DE MARCADORES MOLECULARES EM SIMULAÇÕES PARA A CONSERVAÇÃO DE FRAGMENTOS DE LUEHEA DIVARICATA MART. & ZUCC. NO BIOMA PAMPA	
Caetano Miguel Lemos Serrote	
Lia Rejane Silveira Reiniger	
Valdir Marcos Stefenon	
Aline Ritter Curti	
Leonardo Severo Da Costa	
Aline Ferreira Paim	
<b>DOI 10.22533/at.ed.86319180721</b>	
<b>CAPÍTULO 22</b> .....	<b>226</b>
USO DE DADOS GENÔMICOS COMO INDICADORES DE IDENTIDADE E QUALIDADE NA GESTÃO DE COLEÇÕES MICROBIOLÓGICAS	
Luciana de Almeida	
Mariely Cristine dos Santos	
Mariana Machado Fidelis Nascimento	
Luciano Medina-Macedo	
Juliana Vitória Messias Bittencourt	
<b>DOI 10.22533/at.ed.86319180722</b>	
<b>CAPÍTULO 23</b> .....	<b>233</b>
VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS ESPONTÂNEOS DE MAMONEIRA COLETADOS EM DIFERENTES REGIÕES BRASILEIRAS	
Sebastião Soares de Oliveira Neto	
Odila Friss Ebertz	
Maria Márcia Pereira Sartori	
Maurício Dutra Zanotto	
<b>DOI 10.22533/at.ed.86319180723</b>	
<b>SOBRE O ORGANIZADOR</b> .....	<b>244</b>
<b>ÍNDICE REMISSIVO</b> .....	<b>245</b>

## DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE MACIEIRA DA EPAGRI

### Filipe Schmidt Schuh

Universidade Estadual de Maringá (UEM),  
Programa de Pós-graduação em Genética e  
Melhoramento Vegetal (PGM), Maringá – Paraná.

### Pedro Soares Vidigal Filho

Universidade Estadual de Maringá (UEM),  
Programa de Pós-graduação em Genética e  
Melhoramento Vegetal (PGM), Maringá – Paraná.

### Marcus Vinicius Kvistchal

Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão  
Rural de Santa Catarina (Epagri) – Estação  
Experimental de Caçador (EECd), Caçador -  
Santa Catarina.

### Gentil Carneiro Gabardo

Universidade do Estado de Santa Catarina  
(UDESC), Centro Agro Veterinário, (CAV),  
Programa de Pós-graduação em Produção  
Vegetal, Lages – Santa Catarina.

### Danielle Caroline Manenti

Universidade Estadual de Maringá (UEM),  
Programa de Pós-graduação em Genética e  
Melhoramento Vegetal (PGM), Maringá – Paraná.

### Giseli Valentini

Universidade Estadual de Maringá (UEM),  
Programa de Pós-graduação em Genética e  
Melhoramento Vegetal (PGM), Maringá – Paraná.

**RESUMO:** Amacieira (*Malus x domestica* Borkh.) apresenta naturalmente ampla variabilidade genética. Contudo, o sistema produtivo da macieira restringe cada vez mais o número

de cultivares utilizadas, o que pode incorrer no risco da vulnerabilidade genética. Além disso, a conservação da diversidade genética é de suma importância para a sustentabilidade dos programas de melhoramento genético da cultura. Diante disso, o presente trabalho teve por objetivo avaliar a diversidade genética entre 115 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Maçã da Epagri (EECd) por meio de 66 descritores mofo-agronômicos. A coleta dos dados se deu nos anos de 2014 e 2015 na Epagri, Estação Experimental da Caçador, Santa Catarina. A matriz de dissimilaridade genética foi estimada pelo algoritmo de Gower, e para análise de agrupamento foi utilizado o método de UPGMA. Ampla variabilidade genética pôde ser observada pelos resultados da análise de dissimilaridade, a qual variou de 0,26 até 0,72, sendo que a combinação mais similar foi entre os acessos *M. aldenhamensis* e *M. eley*, e a mais dissimilar, entre os acessos 'Princesa' e 'Pome 19'. No dendrograma pôde-se observar a formação de 16 grupos distintos. As cultivares Princesa e Co-op 16 foram alocadas em grupos isolados, demonstrando que essas cultivares apresentam maior diversidade genética em relação aos demais acessos avaliados. Todas as cultivares silvestres foram alocadas no mesmo grupo, como esperado. As combinações de genótipos mais promissoras para o uso em programas de melhoramento genético foram as

combinações híbridas formadas entre os indivíduos dos grupos 1, combinados com os indivíduos dos grupos 11, 12, 13, 15 e 16.

**PALAVRAS-CHAVE:** *Malus* spp.; dissimilaridade; divergência; Gower.

## GENETIC DIVERSITY AMONG APPLE ACCESSIONS FROM GERMPLASM BANK OF EPAGRI

**ABSTRACT:** Apple tree (*Malus x domestica* Borkh.) shows naturally broad genetic variability. However, the apple tree grown system have been restricted, leading to a few number of cultivars being used, which may lead to risks of genetic vulnerability. Moreover, the conservation of the genetic diversity has a fundamental importance for the success of the apple breeding programs. Based on this, the present work aims to evaluate the genetic diversity between 115 apple accessions from the Apple Germplasm Bank of the Epagri (EECd), through 66 morpho-agronomic characters. Achievement data was in the years of 2014 and 2015 in the Epagri Experimental Station, located in Caçador, Santa Catarina state. The genetic dissimilarity matrices was estimated by Gower Algorithm, and for cluster analysis, was used UPGMA method. Wide genetic variability was observed by dissimilarity calculation, that ranged from 0.26 to 0.72, with average of 0.52. The most similar combination was between the accessions *M. aldenhamensis* and *M. eley*, and the most dissimilar was between the accessions 'Princesa' and 'Pome 19'. Analysis of the dendrogram allowed to observe the existence of 16 distinct groups. The cultivars Princesa and Co-op 16 were allocated in isolated groups, demonstrating these cultivars show genetic diversity higher than the other accessions evaluated. The wild cultivars were allocated into the same group, as expected. The most promising genotype combinations for use in breeding programs were the hybrid combinations between the individuals in group 1, combined with the individuals in groups 11, 12, 13, 15 and 16

**KEYWORDS:** *Malus* spp.; dissimilarity; divergence; Gower.

### 1 | INTRODUÇÃO

A macieira (*Malus x domestica* Borkh.) é considerada uma das fruteiras de clima temperado de maior importância mundial (VELASCO et al., 2010). Essa cultura tem como centro de origem a região que se estende desde o Cáucaso até o Oeste da China (MUZHER et al., 2007), e atualmente encontra-se distribuída por todos os cinco continentes (BLEICHER, 2006). No Brasil, o maior potencial produtivo se encontra na região sul, sendo os estados do Rio Grande de Sul e Santa Catarina os produtores de maior relevância, somando aproximadamente 1,2 milhões de toneladas da fruta produzidas anualmente (CEPA, 2018).

Embora o gênero Rosaceae possua ampla variabilidade genética natural (MUZHER et al., 2007), a adoção de um número reduzido de cultivares pelo sistema produtivo têm levado ao estreitamento da base genética da cultura da macieira

(HOCKANSON et al., 1997). No Brasil, por exemplo, 95% dos pomares comerciais são compostos pelas cultivares Gala e Fuji e suas mutações, que em geral afetam a coloração da epiderme dos frutos (POMMER e BARBOSA, 2009; MELLO, 2006). Além disso, a maioria dessas cultivares possui susceptibilidade às principais doenças que afetam a cultura e não são plenamente adaptadas às principais regiões produtoras de maçã do país (PETRI et al., 1996; BONETI et al., 2006).

O estreitamento da base genética apresenta-se como um aspecto problemático para a cultura da macieira, visto que incorre em vulnerabilidade genética e potencializa a suscetibilidade das culturas ao surgimento de novas raças de patógenos e insetos (ROMAY et al., 2011). Ademais, a baixa variabilidade genética disponível é um aspecto que pode limitar ganhos genéticos em programas de melhoramento genético (HYTEN et al., 2006).

A variabilidade genética das espécies vegetais pode ser acessada a partir dos Recursos Genéticos Vegetais disponíveis principalmente nos centros de origem e nos bancos de germoplasma (LOPES e CARVALHO, 2008). A caracterização adequada desse germoplasma pode proporcionar ganhos consideráveis aos programas de melhoramento e também potencializar seu uso direto pelos agricultores (COELHO et al., 2007). O processamento das informações obtidas a partir da caracterização pode ser realizado de diversas maneiras, sendo a avaliação da diversidade genética uma das técnicas que fornece importantes informações para o conhecimento da variabilidade genética entre os acessos. Tal processo proporciona um melhor gerenciamento do banco de germoplasma e facilita a escolha dos genitores, que ao serem cruzados, possibilitam maior efeito heterótico nas progênies, aumentando as chances de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes (SUDRÉ et al., 2005; BUZAR et al., 2007).

O objetivo deste trabalho foi estudar a diversidade genética de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Macieira mantido pela Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri) a partir de informações de caracterização de descritores morfo-agronômicos, estimar a divergência genética entre os genótipos e indicar as combinações híbridas de maior potencial para uso no programa de melhoramento da macieira.

## 2 | MATERIAL E MÉTODOS

No estudo foram avaliados 115 acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Macieira (BAG – Maçã) da Epagri (Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina), localizado na Estação Experimental de Caçador (EECd), às coordenadas geográficas 26° 49' 07" Sul, 50° 59' 30" Oeste, e altitude média de 950 m (MARCUIZZO et al., 2009). A precipitação média anual da região é de 1.280 mm, com temperatura média anual de 16,2 °C, temperatura média mínima de 4,6 °C e temperatura média máxima de 29,3 °C (MATTOS et al., 2007). A média

histórica de acúmulo de frio anual é de 557 Unidades de Frio (Método Carolina do Norte modificado), apresentando uma variação de 360 a 900 horas com temperatura abaixo de 7,2 °C (PETRI et al., 1996).

O BAG-Maçã é mantido na forma de coleção ativa de germoplasma à campo, cujos acessos são representados por duas plantas adultas, enxertadas sobre o porta-enxerto MM.106. As plantas são completamente podadas anualmente, a fim de garantir a produção de material de propagação. No entanto, para execução deste estudo, adotou-se não realizar poda em alguns ramos de ambas as plantas, com intuito de promover florescimento e frutificação. Os tratamentos fitossanitários e a rotina de nutrição mineral do BAG-Maçã foram realizados conforme recomendações básicas para a cultura da macieira (EPAGRI, 2006). O controle de doenças teve como finalidade evitar morte de plantas por incidência severa de doenças atribuídas à cultura.

Um total de 89 acessos, dentre os 115 acessos estudados, foram selecionados pela completa caracterização dos mesmos, ou seja, para os quais foi possível preencher os dados de todos os descritores utilizados. Os outros 26 acessos foram selecionados devido a atributos de resistência genética à sarna da macieira (*Venturia inaequalis*) e à mancha foliar de glomerella (*Colletotrichum* spp.), como descritos por Furlan et al. (2010).

A caracterização morfo-agronômica dos acessos de maçã através de 66 descritores morfo-agronômicos foi realizada durante os anos de 2015 e 2016, sendo 57 descritores atribuídos para a proteção de cultivares de macieira no Brasil (MAPA, 2013), e 9 descritores adicionais de interesse para o programa de melhoramento genético da macieira da Epagri.

Os descritores do MAPA (Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento) estão divididos em sete grupos de características relacionados à flores, folhas, estípulas, pecíolos, ramos, gemas e frutos, sendo que, cada grupo concentra um número diferente de descritores. Adicionalmente, foram realizadas avaliações de cor de fruto (cor de epiderme e cor de fundo) com base na cartilha de cores da Royal Horticultural Society (RHS, 2007).

Os descritores relacionados aos ramos foram avaliados durante o período de maio a agosto e a avaliação fenológica e floral foi feita durante o período de julho a novembro cada ano de avaliação. As características relacionadas às folhas e aos sintomas visuais de doenças foram realizadas durante todo período vegetativo, compreendido desde o início da brotação, até a senescência das folhas. Já para a descrição dos frutos, procedeu-se a colheita dos mesmos durante o período que se estendeu de janeiro a maio de cada ano de avaliação.

Os dados obtidos a partir dos 66 descritores morfo-agronômicos avaliados nos 115 acessos de maçã foram categorizados em quantitativos, qualitativos ordinais, qualitativos nominais e binários, de acordo com cada característica em questão e, então, utilizados na estimação da divergência genética.

Para o cálculo das distâncias genéticas foi utilizado método baseado no algoritmo

de Gower (GOWER, 1971), tendo em vista os diferentes tipos de variáveis utilizados na caracterização. As estimativas de dissimilaridade obtidas com base no algoritmo de Gower foram calculadas pela seguinte expressão:

$$d_{ij} = 1 - [\sum (W_{ijk} \cdot S_{ijk}) / \sum (W_{ijk})]$$

Onde:  $K$  = número de variáveis ( $k = 1, 2, \dots, p$ );  $i$  e  $j$  = dois indivíduos que representem um acesso;  $W_{ijk}$  = peso dado à comparação  $ijk$ , atribuindo valor **1** para comparações válidas e valor **0** para comparações inválidas (quando o valor da variável está ausente em um ou ambos indivíduos);  $S_{ijk}$  = contribuição da variável  $k$  na similaridade entre os indivíduos  $i$  e  $j$ , com valores entre **0** e **1**. Para uma variável qualitativa (nominal), se o valor da variável  $k$  é o mesmo para ambos os indivíduos,  $i$  e  $j$ , então  $S_{ijk} = 1$ , caso contrário, é igual a **0**; para uma variável quantitativa (contínua)  $S_{ijk} = 1 - |x_{ik} - x_{jk}| / R_k$  onde  $x_{ik}$  e  $x_{jk}$  são os valores da variável  $k$  para os indivíduos  $i$  e  $j$ , respectivamente, e  $R_k$  é o intervalo (valor máximo subtraído do valor mínimo), da variável  $k$  na amostra. A divisão por  $R_k$  elimina as diferenças entre escalas das variáveis, produzindo um valor dentro do intervalo **[0, 1]** e pesos iguais.

Para análise de agrupamento foi utilizado o método de UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) (CRUZ e CARNEIRO, 2006), tendo como base a matriz de dissimilaridade estimada pelo algoritmo de Gower. Todas as análises, incluindo a construção do dendrograma, foram realizadas utilizando-se o pacote “Cluster” (MAECHLER et al., 2015) disponibilizado para o programa computacional estatístico ‘R’ (R CORE TEAM, 2015).

### 3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

O estudo da diversidade genética, realizado para os 115 acessos de macieira do banco de germoplasma da Epagri (BAG-Maçã), calculadas pelo algoritmo de “Gower” (GOWER, 1971), resultou em estimativas de dissimilaridade que variaram de 0,26 a 0,72 (Tabela 1), com dissimilaridade média observada de 52,9 %. Em relação ao agrupamento dos acessos pelo método de UPGMA, estabelecendo um ponto de corte ao nível de dissimilaridade de 52,0, o qual julgou-se mais conveniente tendo em vista a conformação dos grupos originados, pode-se observar a formação de 16 distintos grupos com diversidade entre os grupos variando de 53 a 62% conforme o dendrograma gerado (Figura 1).

A combinação geneticamente mais próxima, com base nos marcadores morfológicos, envolveu os acessos ‘*M. aldenhamensis*’ e ‘*M. eley*’, ambos de origem silvestre, que possuem diversas características similares, culminando em muitas coincidências de classes e, portanto, resultando na baixa dissimilaridade apresentada. Este fato também foi recíproco para outras cultivares silvestres e também para ‘Pome

28', o que contribuiu para o agrupamento de todos esses acessos no Grupo 14 (Figura 1).

Entre as 20 combinações mais similares, o acesso 'D1R103T245' foi o mais frequente, sendo geneticamente próximo aos acessos 'Belle de Boskoop', 'Jersey Mac', 'Empire', 'Baronesa', 'D1R63T94' e 'Pome 20' (Tabela 1). O acesso 'D1R103T245' foi introduzido no BAG-Maça Epagri a partir dos EUA em 1979, e se destaca pela resistência à mancha foliar de *glomerella* (FURLAN et al., 2010) e pela resistência à sarna da macieira.

O índice de dissimilaridade genética de '0,33' apresentado entre acessos 'Lisgala' e 'Ozark Gold' (Tabela 1) possivelmente está relacionado com sua ancestralidade comum, visto que o acesso Lisgala é uma mutação somática da cultivar Gala (DENARDI et al., 1997). As cultivares Gala e 'Ozark Gold', por sua vez, possuem a cultivar Golden Delicious como genitor comum. Segundo Zhang et al. (2012) a maioria dos genitores utilizados nos programas de melhoramento de maçã nos últimos anos, focou-se em uma estreita base genética, frequentemente envolvendo cruzamentos entre cultivares comercialmente populares.

Corroborando com isso, pode-se observar que o maior grupo (Grupo 1) apresentado no dendrograma da Figura 1, contém diversas cultivares descendentes de Golden Delicious, como é o caso dos acessos já mencionados 'Gala', 'Lisgala' e 'Ozark Gold', e de 'Jonatham', como 'Florina' e 'Priam'. Apesar de não estar entre as 20 combinações mais similares, a cultivar Wilmuta também se mostrou muito próxima geneticamente da cultivar Gala no dendrograma, contudo a genealogia dessa cultivar não é conhecida. Sugere-se que talvez esse acesso seja um clone de Gala, que foi introduzido a partir da Holanda pela Epagri no início dos anos 1990.

Sabe-se que o uso de genótipos aparentados em programas de melhoramento é depreciativo para o máximo aproveitamento da heterose nas progênes (BARBIERI et al, 2005). A exemplo disto, Hauagge e Bruckner (2002) citam que, em cruzamentos endógamos, como os envolvendo 'Golden Delicious' x 'Anna', a grande maioria da população resultante tem vigor suficiente para atingir a fase adulta, porém 20% dessas plantas seriam excessivamente fracas para produzir frutos. Por isso, não se recomenda a utilização dos acessos deste grupo como genitores, ou mesmo o intercruzamento entre elas, em programas de melhoramento para o desenvolvimento de novas cultivares.

A combinação mais dissimilar envolveu os genótipos 'Princesa' e 'Pome 19', com aproximadamente 72% de dissimilaridade, onde somente oito das 66 características avaliadas são coincidentes entre os dois acessos. A cultivar Princesa também se mostrou dissimilar em outras quatro das 20 combinações mais dissimilares, indicando alta dissimilaridade média no conjunto genotípico avaliado, o que também pode ser visualizado no dendrograma (Figura 1), visto que, a mesma foi alocada em um grupo isolado (Grupo 16). Em complemento, pode - se destacar que essa cultivar apresenta baixo requerimento de frio, é resistente à mancha foliar de *glomerella*,

tem boa coloração vermelha dos frutos, polpa crocante e succulenta, com sabor doce balanceado, adequado aos padrões de mercado brasileiro (CAMILO e DENARDI, 2006). Ademais, a cultivar Princesa foi amplamente utilizada como parental no Programa de Melhoramento Genético de Macieira da Epagri, sendo o genitor da cultivar Daiane, por exemplo. Essa, por sua vez, apresenta atualmente, alto potencial competitivo na cadeia produtiva da maçã no Brasil, evidenciando a boa capacidade de combinação da cultivar Princesa quando utilizada como germoplasma parental.

A combinação dos acessos *M. floribunda* 'e 'Imperatriz', presentes nos Grupo 2 e 14 (Figura 1) respectivamente, com dissimilaridade genética de 69,5%, se faz interessante pelo ponto de vista de programas de melhoramento que buscam a obtenção de cultivares com médio requerimento de frio e resistência à sarna da macieira e a mancha foliar de glomerella. A 'Imperatriz', cultivar desenvolvida pela Epagri, apresenta médio requerimento de frio hibernal, resistência a mancha foliar de glomerella e resistência horizontal à sarna. Já o acesso *M. floribunda*, 'clone 821', possui o gene *Rvi6* que confere resistência vertical à sarna da macieira (GALLI et al, 2010). Segundo Van Der Plank (1966), a integração da resistência vertical e horizontal se mostra positiva, pois o primeiro tipo de resistência atrasa a infecção inicial e o segundo diminui a taxa de infecção ao longo do tempo, resultando em mais estabilidade da resistência e melhor controle da doença. Sendo assim cruzamento entre esses dois genótipos poderia resultar em um híbrido com resistência mais estável para ambas as doenças mencionadas. De fato, alguns programas de melhoramento genético pelo mundo têm utilizado *M. floribunda* e outras espécies silvestres para desenvolver cultivares de macieiras com resistência mais duradoura à sarna da macieira, tal qual o programa o programa 'PRI' que envolve a Purdue University juntamente com a Rutgers University e University of Illinois, nos EUA, e o HIDRAs (High-quality Disease Resistant Apples for a Sustainable Agriculture) na Europa.

Contudo, deve-se atentar para o fato que cruzamentos envolvendo espécies silvestres, como as apresentadas no Grupo 14 (Figura 1), que em geral produzem frutos de tamanho muito pequeno e de sabor bastante adstringente, devem ser destinados a estratégias de pré-melhoramento, pois, de acordo com Janick et al. (1996) grande parte das progênies envolvendo um parental de frutos tipicamente pequenos, tende a expressar frutos menores que a média dos seus genitores. Isso poderia dificultar o processo de seleção, em função da frequência elevada de genótipos com frutos deste calibre.

Com o objetivo de explorar o máximo vigor híbrido das progênies, tendo como base os 16 grupos formados no dendrograma, podem ser sugeridos cruzamentos entre os acessos do grupo 1 com os acessos dos grupos 11, 12, 13, 15 e 16, em função da maior dissimilaridade observada entre eles, entre tanto, é relevante dar a devida atenção para a genealogia de cada indivíduo com o objetivo de evitar endogamia. Por exemplo, não é recomendado o cruzamento entre os acessos 'Princesa' e 'Baronesa', pois, mesmo estando em grupos distintos no dendrograma (Figura 1), as cultivares possuem alto

grau de parentesco, sendo genitor e progênie, respectivamente (DENARDI e CAMILO, 1997). Observar-se também, casos de algumas cultivares estarem no mesmo grupo, mas, não apresentarem genealogia em comum, com acontece no grupo 11, com os acessos 'Mutsu' e 'Senshu'. A cultivar Mutsu apresenta como genitores as cultivares Indo e Golden Delicious, enquanto que 'Senshu' é um híbrido entre 'Toko' e 'Fuji'. Sendo assim, o que influenciou tal agrupamento é o fato de elas coincidirem em 19 das 66 características, e com valores para caracteres quantitativos, muito próximos, para os quais, existem associações mais íntimas quando os valores estão mais próximos. Isso foi observado para as características de tamanho de fruto, por exemplo, com índice 6 para 'Senshu' e 7 para 'Mutsu'.

Um fator que pode ter ocasionado essas incongruências é o efeito ambiental exercido sobre os genótipos, pois o banco ativo de germoplasma de macieira consiste de apenas duas plantas por acesso e ocupa uma área de aproximadamente 0,4 hectares. Outro aspecto que deve ser ressaltado é que a avaliação dos descritores é bastante subjetiva e, portanto, sujeita a pequenas variações na avaliação e erros de leitura podem ocorrer em alguns casos.

Sendo assim, o melhorista de maçã deve considerar as características desejáveis a incorporar nas progênies, de forma que a magnitude da dissimilaridade apresentada entre os grupos formados no dendrograma exposto (Figura 1) sirva de auxílio na identificação dos grupos genotípicos supostamente mais heteróticos, facilitando a escolha dos genótipos para compor cruzamentos que sejam de interesse do melhorista.

## 4 | CONCLUSÕES

Uma ampla variabilidade genética é observada entre os 115 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de maçã da Epagri/EECd, com base nos 66 descritores morfo-agronômicos avaliados.

Com o estabelecimento do ponto de corte de 0.525 no dendrograma obtido pelo método de UPGMA, foram identificados 16 grupos distintos, sendo o grupo mais dissimilar composto apenas pelo acesso 'Princesa'.

Indicam-se como promissoras ao desenvolvimento de novas cultivares de maçã, as combinações híbridas formadas entre os indivíduos dos grupos 1, combinados com os indivíduos dos grupos 11, 12, 13, 15 e 16.

## REFERENCIAS

BARBIERI R. L.; LEITE D. L.; CHOER E.; SINIGAGLIA G. Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. **Ciência Rural**, v. 35, n. 2, p. 303 – 308. 2005.

BLEICHER, J. História da Macieira. In: EPAGRI. **A cultura da macieira**, 1ª ed, Florianópolis: Pallotti, 2006. p. 29-36.

- BONETI, J. I. S.; KATSURAYAMA, Y.; BLEICHER, J. Doenças da Macieira. In: EPAGRI: **A cultura da macieira**, 1ª ed, Florianópolis: Pallotti, 2006. p. 527-608.
- BUZAR, A. G. R.; OLIVEIRA, V. R.; BOITEUX, L. S. Estimativa da diversidade genética de germoplasma de cebola via descritores morfológicos, agronômicos e bioquímicos. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 25, n. 4, p. 527-532, 2007.
- CAMILO A. P.; DENARDI F. Cultivares: descrição e comportamento no sul do Brasil, In: Epagri. **A Cultura da Macieira**: Florianópolis, Palotti, 2006, p. 113 – 158.
- CEPA. Maça. In: **Síntese Anual da Agricultura de Santa Catarina** (1976 – Atual), v.1, Florianópolis: Epagri/Cepa, 2018, p.65-76.
- COELHO, C. M. M.; COIMBRA, J. L. M.; SOUZA, C. D.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A. F. Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, Santa Maria, v.37, n. 5, p. 1241-1247, 2007.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Diversidade genética. In: CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, Viçosa: UFV, 2006, p. 51-58.
- DENARDI F.; CAMILO, A. P. Novas cultivares de macieira: proposta de nova composição de pomares com polinizadoras / produtoras. **Agropecuária Catarinense**, Florianópolis, v. 10, n. 2, p. 25-30, 1997.
- DENARDI F.; CAMILO A. P.; PETRI J. L. EPAGRI 407- Lisgala; mutação da cultivar de macieira Gala com epiderme mais colorida. **Agropecuária Catarinense**, Florianópolis, v. 10, n. 1, p. 55-56, 1997.
- EPAGRI. **A cultura da macieira**, 1ª ed, Florianópolis: Pallotti, 2006. 743 p.
- FURLAN, C. R. C.; DANTAS, C. de M.; DENARDI, F.; BECKER, W. F.; MANTOVANI, A. Resistência genética dos acessos do Banco de Germoplasma de macieira da Epagri à mancha foliar de glomerella (*colletotrichum gloeosporioides*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, n. 32, n. 2, p. 507-514, 2010.
- GALLI, P.; BROGGINI, G. A.; GESSLER, C.; PATOCCHI, A. Phenotypic characterization of the RVIL5 (vr2) apple scab resistance. **Journal of Plant Pathology**, p. 219-226, 2010.
- GOWER J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties, **Biometrics**, n. 27, n. 4, p. 857-874, 1971.
- HAUAGGE, R.; BRUCKNER, C. H. Macieira. In: BRUCKNER, C. H. **Melhoramento de Fruteiras de Clima Temperado**, 1ed, Viçosa: UFV, 2002, p. 27-88.
- HOKANSON, S. C.; MCFERSON, J. R.; FORSLINE, P. L.; LAMBOY, W. F.; LUBY, J. J.; DJANGALIEV, A. D.; ALDWINCKLE, H. S. Collecting and managing wild *Malus* germplasm in its center of diversity. **HortScience**, v. 32, n. 2, p. 173-176, 1997.
- HYTEN, D. L.; SONG, Q.; ZHU, Y.; CHOI, I. Y.; NELSON, R. L.; COSTA, J. M.; CREGAN, P. B. Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 103, n. 45, p. 16666-16671, 2006.
- JANICK, J.; CUMMINS, J.N.; BROWN, S.K.; HEMMAT, M.A. In: JANICK, J.; MOORE, J.N. (Eds.). **Fruit breeding, tree and tropical fruits**. New York: John Wiley & Sons, 1996, p. 1-77.
- LOPES, J. F.; CARVALHO, S. I. C. de. A Variabilidade Genética e o Pré-Melhoramento. In: FALEIRO, F. G.; FARIAS Neto, A. L.; RIBEIROS Jr. W. Q. **Pré-Melhoramento, Melhoramento e Pós-**

**Melhoramento: estratégias e desafios. Planaltina**, Embrapa cerrado, 1ªed, v.1, 2008. p. 65-74.

MAECHLER, M.; ROUSSEEUW, P.; STRUYF, A.; HUBERT, M.; HORNIK, K. Cluster: Cluster Analysis Basics and Extensions. **R package version 2.0.3**. v. 1, n. 2, 56 p. 2012.

MAPA, **Cenário da cadeia produtiva da maçã**. v.54. 2013. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/politica-agricola/publicacoes/cenario-da-cadeia-produtiva>>. Acesso em: 11, novembro, 2015.

MARCUZZO L. L.; BECKER W.F.; FERNANDES, J. M. C. Alguns aspectos epidemiológicos da mancha bacteriana (*Xanthomonas* spp.) do tomateiro na região de Caçador/SC. **Summa Phytopathol**, v. 35, p. 132-135, 2009.

MATTOS, P. P de.; SANTOS, A. T dos.; RIVERA, H.; de OLIVEIRA, Y. M. M.; ROSOT, M. A. D.; Garrastazu, M. C. Crescimento de *Araucaria angustifolia* na Reserva Florestal Embrapa/Epagri, Caçador, SC. **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 55, p. 107, 2007.

MELLO, L. M. R. de. Produção e mercado da maçã brasileira—Panorama 2005. **Embrapa Uva e Vinho Circular - Técnica**, Bento Gonçalves, 2006.

MUZHER, B. M.; YOUNIS, R. A.; EL-HALABI, O.; ISMAIL, O. M. Genetic identification of some Syrian local apple (*Malus* spp.) cultivars using molecular markers. **Research Journal of Agriculture and Biological Sciences**, v. 3, n. 6, p. 704-713, 2007.

PETRI, J. L.; PALLADINI, L. A.; SHUCK, E.; DUCROQUET, J. H. J.; MATOS, C. S.; POLA, A. C. Dormência e indução da brotação de fruteiras de clima temperado. **Epagri**, 110p, 1996.

POMMER, C. V.; BARBOSA, W. The impact of breeding on fruit production in warm climates of Brazil. **Revista Brasileira de fruticultura**, v. 31, n. 2, p. 612-634, 2009.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R **Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria 2015. > Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 10 fev. 2016.

ROMAY, M.C.; ORDÁS, B.; REVILLA, P.; ORDÁS, A. Three cycles of full-sib reciprocal recurrent selection in two Spanish maize populations. **Crop science**, v. 51, n. 3, p. 1016-1022, 2011.

R H S. Royal Horticultural Society colour chart. **Royal Hort. Soc.**, London and Flower Council of Holland, Leiden, 2007.

SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 22-27, 2005.

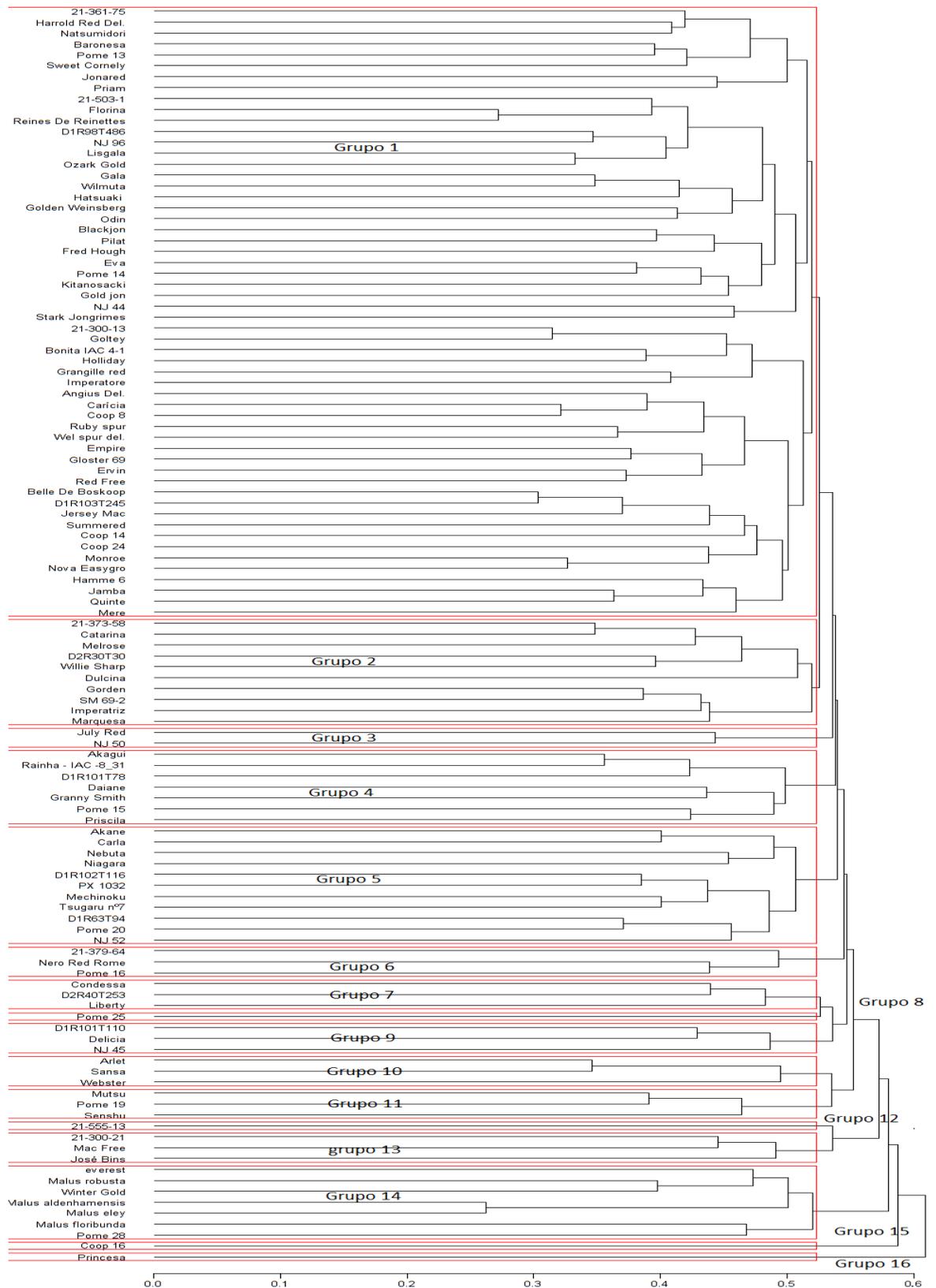
VAN DER PLANK, J. E. Horizontal (polygenic) and vertical (oligogenic) resistance against blight. **American Potato Journal**, v. 43, n. 2, p. 43-52, 1966.

VELASCO, R.; ZHARKIKH, A.; AFFOURTIT, J.; DHINGRA, A.; CESTARO, A.; KALYANARAMAN, A.; SALVI, S. The genome of the domesticated apple (*Malus x domestica* Borkh.). **Nature genetics**, v.42, n. 10, p.833-839, 2010.

ZHANG, Q.; LI J.; ZHAO Y.; KORBAN S. S.; HAN Y. Evaluation of genetic diversity in Chinese wild apple species along with apple cultivars using SSR markers. **Plant molecular biology reporter**, v. 30, n. 3, p. 539-546, 2012.

Combinações menos divergentes	D <sub>ij</sub>	Combinações mais divergentes	D <sub>ij</sub>
<i>M. eley</i> x <i>M. aldenhamensis</i>	0.2618	Princesa x Pome 19	0.7239
Reines des Reinettes x Florina	0.2711	Quinte x José Bins	0.7201
Florina x D1R103T94	0.3017	Mac Free x Florina	0.7073
Belle de Boskoop x D1R103T245	0.3026	Senshu x <i>M. floribunda</i>	0.7070
Jersey Mac x D1R103T245	0.3119	Quinte x <i>M. floribunda</i>	0.7068
Goltey x 21-300-13	0.3141	Pome 28 x Pome 19	0.7043
Empire x D1R103T245	0.3168	Nova Easygro x Mac Free	0.7040
Coop 8 x Carícia	0.3203	Princesa x Ozark Gold	0.7013
Florina x Empire	0.3204	Marquesa x Akane	0.7002
D1R103T245 x Baronesa	0.3229	Princesa x Mutsu	0.7002
Imperatore x 21-300-13	0.3253	Pome 25 x July Red	0.6987
Nova Easygro x Monroe	0.3262	NJ 45 x Imperatriz	0.6982
Wel spur del. x 21-300-13	0.3279	SM 69-2 x Senshu	0.6969
Lisgala x Ozark Gold	0.3316	<i>M. floribunda</i> x Imperatriz	0.6960
D1R63T94 x D1R103T245	0.3395	Akagui x 21-300-13	0.6955
Sansa x Arlet	0.3451	Princesa x Hatsuaki	0.6930
Pome 20 x D1R103T245	0.3454	Princesa x Everest	0.6913
NJ 96 x D1R98T486	0.3460	<i>M. aldenhamensis</i> x Mac Free	0.6908
Gala x Lisgala	0.3461	Senshu x Everest	0.6907
Coop 8 x 21-300-13	0.3461	Senshu x Pome 28	0.6902

**Tabela 1** – Dissimilaridade estimada entre as combinações menos e mais divergentes entre os 115 acessos de macieira do Banco Ativo de Germoplasma de Macieira da Epagri de Caçador, Santa Catarina, resultantes da avaliação de 66 descritores morfoagronômicos.



**Figura 1** – Dendrograma representativo do agrupamento dos 115 acessos de macieira do Banco Ativo de Germoplasma da Epagri/EECd, pelo método de UPGMA com base no algoritmo de ‘Gower’.

## **SOBRE O ORGANIZADOR**

**BENEDITO RODRIGUES DA SILVA NETO** Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade do Estado de Mato Grosso (2005), com especialização na modalidade médica em Análises Clínicas e Microbiologia. Em 2006 se especializou em Educação no Instituto Araguaia de Pós graduação Pesquisa e Extensão. Obteve seu Mestrado em Biologia Celular e Molecular pelo Instituto de Ciências Biológicas (2009) e o Doutorado em Medicina Tropical e Saúde Pública pelo Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública (2013) da Universidade Federal de Goiás. Pós-Doutorado em Genética Molecular com concentração em Proteômica e Bioinformática. Também possui seu segundo Pós doutoramento pelo Programa de Pós-Graduação Stricto Sensu em Ciências Aplicadas a Produtos para a Saúde da Universidade Estadual de Goiás (2015), trabalhando com Análise Global da Genômica Funcional e aperfeiçoamento no Institute of Transfusion Medicine at the Hospital Universitätsklinikum Essen, Germany. Palestrante internacional nas áreas de inovações em saúde com experiência nas áreas de Microbiologia, Micologia Médica, Biotecnologia aplicada a Genômica, Engenharia Genética e Proteômica, Bioinformática Funcional, Biologia Molecular, Genética de microrganismos. É Sócio fundador da “Sociedade Brasileira de Ciências aplicadas à Saúde” (SBCSaúde) onde exerce o cargo de Diretor Executivo, e idealizador do projeto “Congresso Nacional Multidisciplinar da Saúde” (CoNMSaúde) realizado anualmente no centro-oeste do país. Atua como Pesquisador consultor da Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de Goiás - FAPEG. Coordenador do curso de Especialização em Medicina Genômica e do curso de Biotecnologia e Inovações em Saúde no Instituto Nacional de Cursos. Como pesquisador, ligado ao Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública da Universidade Federal de Goiás (IPTSP-UFG), o autor tem se dedicado à medicina tropical desenvolvendo estudos na área da micologia médica com publicações relevantes em periódicos nacionais e internacionais.

## ÍNDICE REMISSIVO

### A

Ácido fólico 148  
Análise de diversidade genética de Nei 205  
Análise Multivariada 93

### B

Bahia 24, 53, 54, 57, 60, 63, 64, 151, 188  
Banco de DNA 5, 54, 57, 63  
Bioaromas 38, 39  
Bioinformática 118, 244

### C

Camapu 47, 48, 59  
Capsicum sp. 93, 94, 95, 103  
Capsicum spp. 7, 8, 76, 77, 78, 81, 82, 93, 94, 95, 96, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104  
Caracterização morfoagronômica 47  
Coeficientes de endogamia 5, 205  
COI 140, 141, 144, 147, 155, 156, 158, 159, 160, 161, 162, 163, 164, 165  
Componentes principais 201  
Conservação de RGV 167  
Crassostrea 9, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 165, 166  
Cultivares 5, 7, 86, 114, 196  
Cultivo urbano 167

### D

Dissimilaridade 104, 116  
Divergência 23, 104, 113, 115, 143, 162, 192, 193  
DNA Mitoconrial 155  
Dof (DNA-binding with One Zinc Finger) 118

### E

Epidemiologia 148  
Espécies Negligenciadas e Subutilizadas 54  
Espinha bífida 148, 149, 151  
Estabilidade genética 10  
Estudos genéticos 66  
Expressão de genes 118

## F

Fenofase reprodutiva 130  
Flamboyant 174, 175  
Fluxo gênico 205, 214, 216  
Fragmentação florestal 205

## G

Germinação in vitro 174, 177, 178  
Germoplasma 5, 1, 3, 11, 13, 15, 16, 61, 62, 64, 93, 106, 108, 113, 114, 116, 117, 185, 186, 187, 188, 189, 190, 192, 242  
Gower 106, 107, 110, 117

## H

Herbário 53, 54, 57, 61, 132  
Hortaliças 61, 62, 64, 65, 167, 172

## I

Identificação Molecular 38, 40

## L

Leveduras não-Saccharomyces 38

## M

Malus spp. 107, 115  
Maranhão 9, 75, 76, 78, 80, 82, 93, 94, 95, 103, 131, 138, 140, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 155, 156, 157, 158, 160, 162, 164, 165, 167, 168, 169, 170  
Melhoramento genético 76  
Metabólitos secundários 66  
Microrganismos Patogênicos 25

## P

PANC 53, 54, 55, 56, 57, 59, 60, 61, 62, 63, 64  
Plantas medicinais 51, 182  
Precipitação 71, 72

## Q

Qualidade de sementes 5

## R

Receptividade estigmática 174

*Ricinus communis* L. 84, 85, 92, 126, 194, 195, 233, 234, 242, 243

Rubiaceae 13, 14, 16, 23, 59, 61

## S

Sanidade Animal 25

Sapo-cururu 138

SDS 66, 67, 68, 69, 72

Segurança Alimentar 25, 173

Seleção direta 76

Simulações em Easypop 205

Sistemática 138

## T

*Triticum aestivum* 1, 2, 11

Triton X-100 66, 67, 68, 69, 72

## U

Uva 115, 185, 186

## V

Variabilidade 47, 74, 104, 114, 192

Viabilidade Polínica 174

Videira 187, 188, 189

Agência Brasileira do ISBN  
ISBN 978-85-7247-486-3



9 788572 474863