

Recursos genéticos de macieira

Genetic resources of apple trees

Mateus da Silveira Pasa^{1*}, Caroline Marques Castro², Carina Pereira da Silva³

- REVISÃO BIBLIOGRÁFICA-

RESUMO

A maçã é de grande importância econômica e social, sendo a segunda fruta mais produzida no mundo. Grande parte desse sucesso é devido a atuação dos programas de melhoramento genético no desenvolvimento de cultivares adequadas às necessidades das regiões de cultivo e as exigências dos consumidores. No entanto, para que novas cultivares sejam obtidas, é fundamental que existam recursos genéticos conservados de maneira adequada e em quantidade suficiente para prover a diversidade genética necessária. Isso se torna ainda mais importante no atual cenário global, com mudanças climáticas iminentes que podem alterar de maneira drástica o cultivo da macieira. Assim, o objetivo deste trabalho foi reunir e discutir as principais informações sobre os recursos genéticos da macieira, para que possa ser utilizado como material de apoio para pesquisas e, dessa forma, contribuir para o desenvolvimento dessa frutífera.

Palavras-chave: *Malus domestica* Borkh., *Malus sieversii*, conservação, bancos de germoplasma, espécies silvestres.

ABSTRACT

The apple has economic and social importance, being the second most produced fruit in the world. Much of this success is due to the development of cultivars adapted to several growing regions as well as consumer's demands by breeding programs. However, the development of new varieties depends on genetic resources maintained properly and in sufficient quantity to provide the necessary genetic diversity. This becomes even more important in current global situation, since estimated climate changes might influence drastically the apple crop. The objective of this study was to gather and discuss key information on the genetic resources of apple trees, to be used as reference for further research so as to contribute to the development of this fruit crop.

Key words: *Malus domestica* Borkh., *Malus sieversii*, conservation, gene banks, wild species.

INTRODUÇÃO

A maçã é a segunda fruta mais produzida

^{1*}Departamento de Fitotecnia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (FAEM), Universidade Federal de Pelotas (UFPel), 96001.970, Pelotas, RS, Brasil. E-mail: mateus.pasa@gmail.com. *Autor para correspondência.

²Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil.

³Biociência, Universidade Federal de Pelotas, RS, Brasil.

no mundo. Segundo dados da *Food and Agriculture Organization of the United Nations* (FAO, 2012) a produção mundial de maçãs (*Malus domestica* Borkh.) no ano de 2010 ultrapassou 69 milhões de toneladas. Dentre os países produtores de maçã, a China é responsável por aproximadamente 48% da produção mundial. No Hemisfério sul, o Brasil e a Argentina destacam-se como grandes produtores de maçãs. O Brasil é responsável por 1,83% da produção mundial (1,27 milhões de toneladas), ocupando o 9º lugar em quantidade produzida (FAO, 2012).

De acordo com FACHINELLO et al. (2011), nos últimos 10 anos houve crescimento de 33,79% na área colhida, 30,41% na produção, 948,48% na quantidade exportada e 1.328,07% no valor exportado. Esses resultados reforçam a tendência que vem ocorrendo desde o início da pomicultura no país e revelam o grande potencial exportador do Brasil.

Mundialmente, as expectativas sobre a produção de alimentos têm aumentado, principalmente quanto à quantidade e qualidade destes. Isso ocorre principalmente em função do constante crescimento populacional, da forte demanda por produtos seguros, ou seja, com menor utilização de agrotóxicos (SMALE & DAY-RUBENSTEIN, 2002) e da crescente preocupação acerca das mudanças climáticas. Nesse sentido, o melhoramento vegetal é uma importante ferramenta para superar esses desafios (SMALE & DAY-RUBENSTEIN, 2002), através da obtenção de plantas mais produtivas, resistentes a pragas e doenças (CARVALHO, 2006) e adaptadas às mudanças climáticas. Para tal, é essencial a existência de recursos genéticos adequadamente conservados, capazes de prover o acesso à variabilidade genética necessária aos programas de melhoramento.

Assim, o objetivo desta revisão foi reunir e discutir as principais informações sobre os recursos genéticos da macieira, para que possa ser utilizado como material de apoio para pesquisas e, dessa forma, contribuir para o desenvolvimento dessa frutífera.

BOTÂNICA E TAXONOMIA

A macieira pertence à família Rosaceae, subfamília Pomoidae, gênero *Malus*, compreendendo 33 espécies, muitas das quais passíveis de serem cruzadas entre si (WATKINS, 1995). Diversos nomes científicos têm sido propostos para a macieira, como *Pyrus malus* L., *Malus pumila* Miller, *Malus sylvestris* Miller, *Malus malus* Briton e *Malus domestica* Borkhausen (HAUAGGE & BRUCKNER, 2002). No entanto, mesmo sendo citados vários nomes para a espécie, a denominação *M. domestica* foi a primeira denominação válida publicada para a macieira cultivada, segundo o Código Internacional de Nomenclatura para Plantas Cultivadas (PETRI & LEITE, 2008), sendo aceita como o nome científico apropriado (KORBAN & SKIRVIN, 1984).

CENTRO DE ORIGEM, DIVERSIDADE E DOMESTICAÇÃO

O centro de origem da maçã é o Cazaquistão e Ásia central (VAVILOV, 1992). Mais especificamente, o centro de origem primário do gênero *Malus* está localizado na Ásia menor, Cáucaso, Ásia Central, Himalaia indiano, Paquistão e oeste da China, onde ocorrem pelo menos 25 espécies nativas de *Malus* (JUNIPER et al., 1999). O centro de diversidade é o mesmo centro de origem, ou seja, a região da Ásia Central, que possui grande diversidade de espécies de macieiras selvagens, com diferentes formas, cores e sabores (HARRIS et al., 2002). Além disso, com base em estudos isoenzimáticos, a diversidade encontrada nas espécies silvestres dessa região é significativamente maior do que a encontrada em quatro espécies silvestres amplamente distribuídas na América do Norte (LAMBOY, 1996; DICKSON, 1991).

As espécies consideradas como principais componentes do *pool* gênico primário de *M. domestica*, por serem taxonomicamente próximas a esta, são *M. asiatica*, *M. baccata*, *M. micromalus*, *M.*

orientalis, *M. prunifolia* e *M. sieversii* (VELASCO et al. 2010). Destas, *M. sieversii* (Lebed.) M. Roem é reconhecida por ser a principal espécie progenitora da macieira cultivada (JUNIPER et al., 1999), pois é a única que apresenta todas as características encontradas em *M. domestica*, tanto em termos de morfologia da planta, quanto dos frutos (FORSLINE et al., 2003). Populações de *M. sieversii* foram identificadas nas florestas ao longo de uma região montanhosa chamada Tien Shan, na Ásia central (RICHARDS et al, 2009). Os frutos de *M. sieversii* são os maiores dentre as espécies silvestres, variando de grandes e comestíveis, a pequenos e adstringentes (LUBY et al., 2001).

De acordo com KORBAN & SKIRVIN (1984) a macieira cultivada provavelmente seja resultado de hibridações interespecíficas. Considerando-se a parte oriental do centro de origem, *M. sieversii* provavelmente hibridizou com outras espécies chinesas, como *M. prunifolia* (Willd) Borkh., *M. baccata* (L.) Borkh. e possivelmente com *M. sieboldii* (Reg.) Rehd. Já na porção ocidental, híbridos podem ter se formado com espécies como *M. turkmenorum* Juz., *M. orientalis* e *M. sylvestris* (L.) Mill. (JUNIPER et al., 1999). *M. sieversii* é reconhecido como o principal ancestral de *M. domestica* Borkh. (FORTE et al., 2002). No entanto, COART et al. (2006), em estudos sobre a variação no DNA de cloroplastos de diferentes acessos de *Malus*, utilizando marcadores moleculares SSR (*Single Sequence Repeats*) e RFLP (*Random Fragment Length Polymorphism*), identificaram *M. sylvestris* como sendo o principal ancestral da macieira cultivada. Em contrapartida, estudos mais recentes de sequenciamento genético utilizando marcadores moleculares SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*), reafirmam *M. sieversii* como o principal antecessor de *M. domestica* (VELASCO et al., 2010).

A dispersão da macieira foi fortemente influenciada pela a Rota da Seda, do mar negro para o oeste da China. Caravanas de viajantes, a pé, em camelos ou cavalos,

atravessavam essa rota desde o período Neolítico. Os animais utilizados nessas caravanas comiam todos os tipos de frutas e, dentre estas, a maçã. Assim, sementes de diversas espécies de *Malus* foram dispersas ao longo desse caminho. No entanto, este fluxo de germoplasma, por meio do comércio terrestre, decresceu ao longo dos séculos e cessou no século 20, com o isolamento da China por fatores políticos. A domesticação da macieira passou por duas etapas importantes: a introdução inicial de macieiras no oeste da Europa seguida por posteriores hibridações entre cultivares e entre estas e espécies selvagens (JUNIPER et al., 1999).

CITOGENÉTICA

Plantas da subfamília *Pomoidae* possuem número básico de cromossomos $n=17$, maior se comparado com sete a nove das outras subfamílias de *Rosaceae* (JACKSON, 2003). Segundo HAUAGGE & BRUCKNER (2002), a maioria das cultivares de macieiras são diplóides ($2n = 34$). Ainda segundo esses autores algumas podem ser triplóides, resultantes de fertilização de gametas não reduzidos, representando cerca de 10% dos cultivares existentes. O saco embrionário normalmente amadurece à antese em cultivares de macieira diplóides e dois a três dias após em cultivares triplóides, sendo que estes têm maior longevidade que os diplóides. Esse maior período de polinização aparentemente compensa a alta esterilidade de óvulos triplóides.

A macieira apresenta incompatibilidade parcial, que é denominada incompatibilidade gametofítica, condicionada por um gene com uma série de alelos múltiplos, denominados 'alelos-S'. Logo, quando o alelo-S, presente no grão de pólen, é comum à planta receptora, o crescimento do tubo polínico é inibido no estilete (HAUAGGE & BRUCKNER, 2002). As cultivares de macieira são divididas em três grupos de compatibilidade: invariavelmente autoestéreis, invariavelmente autoférteis ou variavelmente autoférteis (IUCHI, 2006). Dessa forma, a polinização

cruzada é essencial em pomares de macieira, sendo potencializada quando ocorre polinização por insetos, principalmente por abelhas (*Apis mellifera* L.), *Bombus terrestris*, outras abelhas silvestres e moscas do gênero *Syrphidae*. A eficiência da transferência de pólen por esses insetos é dependente de sua abundância, da atratividade das flores, do seu modo de ação e das condições climáticas (JACKSON, 2003).

CONSERVAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS

A conservação dos recursos genéticos é fundamental para assegurar a disponibilidade

da variabilidade genética para as futuras gerações. A diversidade genética das culturas pode ser mantida *in situ* (no local de origem) ou *ex situ* (fora do local de origem). A conservação *ex situ* é representada por coleções mantidas em bancos de germoplasma ou jardins botânicos (FRISVOLD & CONDON, 1998).

A Europa possui o maior número de bancos de germoplasma e de acessos de maçã, os quais estão organizados no *European Plant Genetic Resources Catalogue* (ou *European Internet Search Catalogue*, EURISCO) e no *European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources* (ECPGR) (Tabela 1).

Tabela 1. Número de acessos de *Malus* listados no *European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources* (ECPGR) e no *European Plant Genetic Resources Catalogue* (EURISCO).

País	ECPGR	EURISCO
Áustria	542	701
Azerbaijão	-	259
Bélgica	1247	-
Bulgária	-	20
República Tcheca	976	1125
França	6330	-
Alemanha	952	991
Hungria	672	-
Irlanda	117	-
Itália	3198	460
Latvia	-	117
Polônia	926	-
Romênia	740	1455
Rússia	-	3743
Sérvia e Montenegro	790	-
Eslováquia	-	225
Suíça	2365	76
Ucrânia	-	2015
Reino Unido	2158	2348
Total	21013	13535

Fonte: Report of working group on *Malus/Pyrus*. Tbilisi, Georgia/2006.

O ECPGR é um programa colaborativo entre vários países europeus com objetivo de conservação em longo prazo, assim como de incrementar a utilização dos recursos genéticos de plantas. Este programa é totalmente financiado pelos países membros, sendo supervisionado por um comitê gestor, composto por coordenadores nacionais designados pelos países participantes e uma série de órgãos internacionais relacionados (LATEUR et al., 2006).

Dentre os bancos de germoplasma de macieira no mundo, nas Américas o maior e mais importante é o *Plant Genetic Resources Unit* (PGRU), nos Estados Unidos, localizado na estação estadual de experimentação agrícola em Geneva, no campus da universidade de Cornell. O PGRU é parte de uma rede de bancos de germoplasma que pertence ao *National Germoplasm System* (NPGS) do *United States Department of Agriculture* (USDA) – *Agricultural Research Service* (ARS). A coleção de *Malus* do USDA-ARS inclui 42 espécies, sendo que maioria dos acessos dessa coleção é conservada a campo, a qual é formada por uma coleção principal, com 2.449 genótipos, uma coleção nuclear com 392 genótipos (sendo 256 da coleção principal, 109 de *M. sieversii* e 27 de *M. orientalis*) e uma coleção de 4.360 *seedlings* silvestres de 10 espécies. Sementes de 1.507 espécies silvestres do gênero *Malus* também são mantidas no banco de germoplasma (VOLK et al., 2010).

No Brasil, o início da cultura da macieira ocorreu, provavelmente, no município de Valinhos-SP, em 1926, sendo que o início da pesquisa com essa cultura no país ocorreu em 1928, com a introdução de 72 cultivares na Estação Experimental de São Roque, do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) (PETRI & LEITE, 2008). Atualmente, o IAC conta com 83 acessos de macieira, de três espécies, os quais são mantidos *in vivo* (VEIGA, 1998). No entanto, o banco de germoplasma de macieira mais importante no país é da EPAGRI (Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa

Catarina), o qual é composto de um amplo acervo 442 acessos que apresentam grande diversidade de características de importância agrônômica, incluindo valiosa fonte de resistência às principais doenças da macieira, como a sarna (*Venturia inaequalis*), podridão-amarga (*Glomerella* spp. *cingulata*) e oídio (*Podosphaera leucotricha*), além da mancha foliar de *glomerella* (*Colletotrichum* spp) (FURLAN et al., 2010).

Os bancos de germoplasma de macieira estão em sua maioria preservados *ex situ*, ou seja, fora do local de origem, em coleções mantidas a campo. De acordo com VOLK et al. (2010), coleções mantidas a campo são muito valiosas, pois permitem a utilização de plantas adultas para avaliações fenotípicas, obtenção de material de propagação e estão prontamente disponíveis para cruzamentos em programas de melhoramento. No entanto, esse tipo de banco de germoplasma apresenta alguns problemas, como necessidade de grandes áreas e constantes riscos de perdas devido a fatores bióticos e abióticos (HALMAGYI et al., 2010), como ataque de pragas e efeito das variações climáticas (VOLK et al., 2010).

Considerando-se os problemas relacionados à conservação tradicional de germoplasma a campo, outras estratégias de conservação podem ser utilizadas. Dentre elas, a conservação de sementes de macieiras em armazenamento a frio é uma forma possível de conservação em longo prazo (VOLK et al., 2010). Esse meio de conservação já está sendo utilizado na Estação estadual de experimentação agrícola em Geneva, Nova Iorque, com cópias de segurança na USDA-ARS *National Center for Genetic Resources Preservation* (NCGRP) (FAZIO et al., 2008). Além disso, segundo VOLK et al. (2010), a conservação de pólen também é uma alternativa viável para conservação de germoplasma de macieira, sendo de grande utilidade, principalmente pela facilidade de envio para utilização em programas de melhoramento em locais alternativos.

Atualmente, a criopreservação tem sido utilizada com sucesso na preservação de gemas vegetativas dormentes de macieira. Nesse método, as gemas são coletadas no inverno, desidratadas e lentamente congeladas, para somente então serem armazenadas em nitrogênio líquido (FORSLINE, 2000). Adicionalmente, HAO et al. (2001), em estudos de criopreservação de porções apicais de três genótipos de macieira através do método de encapsulação – desidratação, obtiveram alta percentagem de sobrevivência e regeneração, com elevada similaridade morfológica. HALMAGYI et al. (2010), em estudos semelhantes, obtiveram taxas de regeneração que variaram de 60 a 70%, através do método *droplet vitrification*, sem alterações morfológicas e no crescimento, em comparação a plantas controle. Logo, percebe-se que a criopreservação pode ser uma boa alternativa para conservação de germoplasma de macieira, pois garante segurança na preservação dos acessos e ocupa menor espaço físico, além do menor custo de manutenção do material preservado.

USO DE ESPÉCIES SILVESTRES

O germoplasma silvestre de *Malus* do centro de origem Asiático não estava disponível até o ano de 1989. No entanto, neste ano ocorreram diversas expedições no intuito de coletar esse germoplasma para fins de conservação e avaliação no PGRU - USA. A partir de 1998, sementes de *M. sieversii* foram distribuídas a 24 países cooperados ao redor do mundo. Desde então, mais de 50 cientistas e técnicos com diversas especialidades estão avaliando esses acessos (LUBY et al., 2001).

Estudos realizados com 1.500 acessos de *M. sieversii* coletados em diferentes locais do centro de origem Asiático, nas expedições citadas anteriormente, identificaram que 41% destes apresentavam resistência a sarna da macieira (*Venturia inaequalis*) e fogo bacteriano (*Erwinia amylovora*). Alguns acessos também apresentaram resistência à

ferrugem do cedro da macieira (*Gymnosporangium juniperi-virginianae*) (FAZIO et al., 2009). VOLK et al. (2008), em estudo sobre a diversidade genética e resistência a doenças de acessos de *M. orientalis* coletados na Turquia e Sul da Rússia, encontraram altos níveis de resistência a doenças como sarna da macieira e fogo bacteriano.

Os resultados das avaliações de espécies silvestres de macieira são bastante promissores, pois as características de interesse agrônomo encontradas nesses acessos, principalmente resistência a doenças, podem, futuramente, ser utilizadas em programas de melhoramento. De acordo com FAZIO et al. (2009), os genótipos de *M. sieversii* são particularmente importantes, pelo fato de serem fenotipicamente similares as macieiras cultivadas para as principais características agrônomicas, reduzindo a necessidade de um grande número de retrocruzamentos no desenvolvimento de novas cultivares.

IDENTIFICAÇÃO DE GENES DE INTERESSE

Os estudos de identificação de genes de interesse em *Malus* têm sido focados principalmente naqueles relacionados à resistência as principais doenças da macieira, como a Sarna (*Venturia inaequalis*), Oídio (*Podosphaera leucotricha*) e Fogo-bacteriano (*Erwinia amylovora*). Dentre os principais genes relacionados à sarna-da-macieira, o gene *Vf* de *M. floribunda*, identificado através de marcadores RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) e AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), tem sido o mais utilizado em programas de melhoramento de macieira ao redor do mundo (KORBAN & TARTARINI, 2009). No entanto, outros genes relacionados à resistência a sarna também foram identificados, como os genes *Vbj* de *M. baccata jackii* através de marcadores RAPD (GYGAX et al., 2004), *Vh2* e *Vh4* do acesso

russo R12740-7 utilizando marcadores SSR (BUS et al., 2005).

O fogo-bacteriano, embora atualmente esteja confinado basicamente nos Estados Unidos (EUA), é uma ameaça para os demais países produtores de macieira. Dessa forma, a identificação de genes de resistência a essa doença é de extrema importância. Análises moleculares têm sido realizadas para localizar QTL (*Quantitative Trait Loci*) associados a essa característica, uma vez que fontes de resistência monogênicas ainda não foram identificadas em macieira. Nesse sentido, diversos QTLs foram identificados em duas progênies derivadas de cruzamentos entre as cultivares comerciais 'Fiesta', 'Prima' e 'Discovery'. Na progênie derivada de 'Fiesta' x 'Prima', dois QTLs aditivos foram detectados em LG7 (Linkage Group 7) e LG3, enquanto que para 'Fiesta' x 'Discovery', quatro QTLs aditivos foram encontrados, dois em 'Fiesta' (LG3 e LG7) e dois em 'Discovery' (LG12 e LG13) (KORBAN & TARTARINI, 2009). Recentemente, um gene de resistência ao fogo-bacteriano foi encontrado em *M. robusta* 5 em LG3 (GARDINER et al., 2012).

O oídio é outra doença importante presente em todas as regiões onde a macieira é cultivada. Algumas cultivares apresentam alta resistência a essa doença, como 'Delicious' e 'McIntosh', mas grande parte das cultivares comerciais são suscetíveis (KORBAN & TARTARINI, 2009). Pelo menos seis genes de resistência ao oídio já foram identificados: *PI-1* de *M. robusta*, *PI-2* de *M. zumi*, *PI-w* de 'White Angel', *PI-d* do acesso D12, *PI-8* de *M. sargentii* 843 e *PI-m* de *Mildew Immune seedling* (ALSTON et al., 2000). Dentre estes, o foco dos programas de melhoramento tem sido no uso de *M. robusta* e *M. zumi*, pelo fato dos níveis de resistência conferidos pelos genes *PI-w* e *PI-d* terem se mostrado maiores que os demais (KNIGHT & ALSTON, 1968).

Além dos genes identificados para resistência a doenças, estudos têm sido realizados para identificação de genes

relacionados a pragas da macieira. O pulgão-lanígero (*Eriosoma lanigerum*) é uma praga de grande importância econômica em algumas regiões produtoras. Até o momento, os principais genes de resistência a essa praga identificados foram o *Er-1* de 'Northern Spy', *Er-2* de *M. robusta* 5 e *Er-3* de *M. sieboldii* (BUS et al., 2008). Recentemente esses genes foram mapeados, sendo *Er-1* e *Er-3* localizados no LG8, enquanto que *Er-2* está no LG17 (BUS et al., 2008).

Estudos de identificação de genes relacionados a características de interesse agrônomo também tem sido desenvolvidos, como por exemplo, aqueles relacionados à arquitetura da planta. O hábito de crescimento colunar (gene *Co*), o qual foi inicialmente observado em um mutante de 'McIntosh' ('Wijcik McIntosh'), apresenta como características principais os entrenós curtos e reduzida altura e ramificação das plantas (LAPINS, 1976). Essas características são muito valiosas para os programas de melhoramento modernos, os quais almejam o desenvolvimento de cultivares adequadas para o plantio de pomares em alta densidade. O gene *Co* foi localizado no LG10 de 'Wijcik McIntosh' através de marcadores RAPD (CONNER et al., 1998) e SSR (SSR_{Co}) (HEMMAT et al., 1997).

CONCLUSÃO

Com base nas informações reunidas com essa revisão, é possível constatar a importância dos recursos genéticos de macieira. Um dos principais aspectos nas pesquisas acerca desse assunto é o conhecimento da verdadeira origem da espécie cultivada. Com base em estudos genéticos recentes, concluiu-se que a principal espécie responsável pela formação do genoma da macieira cultivada é *Malus sieversii*. Essa descoberta permite a definição mais exata do centro de origem da macieira e, dessa forma, orienta para as principais áreas de buscas por parentes silvestres, os

quais são as principais fontes de variabilidade para os programas de melhoramento.

Fontes de resistência a sarna-da-macieira foram encontradas em acessos de *M. sieversii* coletados no centro de origem. Além disso, diversos genes de resistência a essa e outras doenças importantes (fogo-bacteriano, oídio, etc.), pragas (pulgão lanígero, etc.) e características agronômicas desejadas (hábito de crescimento colunar, etc.) já foram identificados em diferentes acessos de macieira. Esses materiais podem ser utilizados por programas de melhoramento, para obtenção de cultivares resistentes, reduzindo aplicação de agrotóxicos, e assim, garantindo maior segurança aos consumidores e ao ambiente e; adaptadas as atuais necessidades de cultivo, ou seja, pomares em média-alta densidade, com menor necessidade de mão-de-obra e altamente produtivos.

Avanços consideráveis foram obtidos na conservação do germoplasma de macieira, com destaque para a técnica de criopreservação, a qual permite armazenar maior quantidade de acessos, com redução no espaço físico e no custo e com garantia da manutenção da viabilidade desses materiais.

Finalmente, pode-se afirmar que os estudos envolvendo a caracterização, conservação e utilização dos recursos genéticos estão gerando resultados significativos e, certamente, serão fundamentais para garantia do sucesso do cultivo de macieiras.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALSTON, F.H.; PHILLIPS, K.L.; EVANS, K.M. A *Malus* gene list. **Acta Horticulturae**, Dresden, v.583, p.561-570, 2000.
- BUS, V.G.M.; CHAGN'É, D.; BASSETT, H.C.M. et al. Genome mapping of three major resistance genes to woolly apple aphid (*Eriosoma lanigerum* Hausm.). **Tree Genetics & Genomes**, Berlin, v.4, p.233-236, 2008.
- BUS, V.G.M.; RIKKERINK, E.H.A; VAN DE WEG, W.E. et al. The *Vh2* and *Vh4* scab resistance genes in two differential hosts derived from Russian apple R12740-7A map to the same linkage group of apple. **Molecular Breeding**, Amsterdam, v.15, 103–116, 2005.
- CARVALHO, F.P. Agriculture, pesticides, food security and food safety. **Environmental science & policy**, Amsterdam, v.9, p.685 – 692, 2006.
- COART, E.; VAN GLABEKE, S.; DE LOOSE, M. et al. Chloroplast diversity in the genus *Malus*: new insights into the relationship between the European wild apple (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) and the domesticated apple (*Malus domestica* Borkh.). **Molecular Ecology**, Vancouver, v.15, 2171-2182, 2006.
- CONNER, P.J.; BROWN, S.K.; WEEDEN, N.F. Molecular-marker analysis of quantitative traits for growth and development in juvenile apple trees. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.96, p.1027–1035, 1998.
- DICKSON, E.E.; KRESOVICH, S.; WEEDEN, N.F. Isozymes in North American *Malus* (Rosaceae): hybridisation and species differentiation. **Systematic Botany**, Laramie, v.16, n.2, p.363–375, 1991.
- FACHINELLO, J.C., PASA, M.S.; SCHMITZ, J.D. et al. Situação e perspectivas da fruticultura de clima temperado no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.33, n.spe1, p.109-120, 2011.
- FAZIO, G.; ALDWINCKLE, H.S.; VOLK, G.M. et al. Progress in evaluating *Malus sieversii* for disease resistance and horticultural traits. **Acta Horticulturae**, Zaragoza, v.814, p.59-66, 2009.
- FAZIO, G.; FORSLINE, P.; ALDWINCKLE, H. et al. The Apple Collection in Geneva, NY: A Resource for The Apple Industry Today and

for Generations to Come. **New York Fruit Quarterly**, Geneva, v.16, n.1, p.8, 2008.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO). **Production-crops**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor> > Acesso em: 22 abr. 2012.

FORSLINE, P.L. Procedures for collection, conservation, evaluation and documentation of *Malus* germplasm. **Acta Horticulturae**, Brussels, v.522, p.223–234, 2000.

FORSLINE, P.L.; ALDWINCKLE, H.S.; DICKSON, E.E. et al. Collection, maintenance, characterization, and utilization of wild apples of Central Asia. **Horticultural Reviews**, San Francisco, v.29, p.1–61, 2003.

FORTE, A.V.; IGNATOV, A.N.; PONOMARENKO, V.V. et al. Phylogeny of the *Malus* (apple tree) species, inferred from the morphological traits and molecular DNA analysis. **Russian Journal of Genetics**, Moscow, v.38, p.1150–1160, 2002.

FRISVOLD, G.B.; CONDON, P.T. The convention on biological diversity and agriculture: implications and unresolved debates. **World Development**, Amsterdam, v.26, n.4, p.551-570, 1998.

FURLAN, C.R.C.; DANTAS, A.C.M.; DENARDI, F. et al. Resistência genética dos acessos do banco de germoplasma de macieira da EPAGRI à mancha foliar de glomerella (*Colletotrichum gloeosporioides*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.32, n.2, p. 507-514, 2010.

GARDINER, S.; NORELLI, J. L.; SILVA, N. et al. Putative resistance gene markers associated with quantitative trait loci for fire blight resistance in *Malus* 'Robusta 5' accessions. **BioMed Central Genetics**, United Kingdom, v.13, p.1-20, 2012.

GYGAX, M.L.; GIANFRANCESCHI, R.; LIEBHARD, M. et al. Molecular markers linked to the apple scab resistance gene *VbJ* derived from *Malus baccata jackii*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.109, p.1702–1709, 2004.

HALMAGYI, A.; DELIU, C.; ISAC, V. Cryopreservation of *Malus* cultivars: comparison of two droplet protocols. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v.124, n.3, p.387-392, 2010.

HAO, Y.J.; LIU, Q.L.; DENG, X.X. Effect of Cryopreservation on Apple Genetic Resources at Morphological, Chromosomal, and Molecular Levels. **Cryobiology**, Amsterdam, v.43, n.1, p. 46–53, 2001.

HARRIS, S.A.; ROBINSON, J.P.; JUNIPER, B.E. Genetic clues to the origin of the apple. **Trends in Genetics**, Amsterdam, v.18, n.8, 2002.

HAUAGGE, R.; BRUCKNER, C.H. Macieira. In: BRUCKNER, C.H (Ed.). **Melhoramento de fruteiras de clima temperado**. Viçosa: UFV, 2002. cap.2, p.28-88.

HEMMAT M.; WEEDEN, N.F.; CONNER, P.J. et al. A DNA marker for columnar growth habit in apple contains a simple sequence repeat. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v.122, p.347–349, 1997.

IUCHI, V. L. Botânica e Fisiologia. In: EPAGRI. **A cultura da Macieira**. Florianópolis: Epagri, 2006. p.59-104.

JACKSON, J.E. Flowers and fruits. In: JACKSON, J.E (Ed.). **Biology of apples and pears**. Cambridge: Cambridge University Press, 2003. p.268-340.

JUNIPER, B.E.; WATKINS, R.; HARRIS, S.A. The origin of the apple. **Acta Horticulturae**, Oxford, v.484, p.27–33, 1999.

- KNIGHT, R.L.; ALSTON, F.H. Sources of field immunity to mildew (*Podosphaera leucotricha*) in apple. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v.10, 294–298, 1968.
- KORBAN, S.S.; SKIRVIN, R.M. Nomenclature of the cultivated apple. **HortScience**, Alexandria, v.19, n.2, p.177–180, 1984.
- KORBAN, S.S.; TARTARINI, S. Apple structural genomics. In: FOLTA, K.M.; GARDINER, S.E. (Eds.). **Genetics and Genomics of Rosaceae**. Berlin: Springer, 2009, cap.5, p.85-119.
- LAMBOY, W.F.; YU, J.; FORSLINE, P.L. et al. Partitioning of allozyme diversity in wild populations of *Malus sieversii* L. and implications for germplasm collection. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v.121, n.6, p.982–987, 1996.
- LAPINS, K.O. Inheritance of compact growth type in apple. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v.101, p.133–135, 1976.
- LATEUR, M.; MAGGIONI, L.; LIPMAN, E. **Report of a Working Group on Malus/Pyrus**. Third Meeting, Georgia. Biodiversity International, Italy, 2006. 52p.
- LUBY, J.; FORSLINE, P.L.; ALDWINCKLE, H.S. et al. Silk road apples - collection, evaluation, and utilization of *Malus sieversii* from Central Asia. **HortScience**, Alexandria, v.36, p. 225–231, 2001.
- PETRI, J.L.; LEITE, G.B. Macieira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.30, n.4, p.857-1166, 2008.
- RICHARDS, C.M.; VOLK, G.M.; REILLEY, A.A. et al. Genetic diversity and population structure in *Malus sieversii*, a wild progenitor species of domesticated apple. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin, v.5, p.339–347, 2009.
- SMALE, M.; DAY-RUBENSTEIN, K. The demand for crop genetic resources: international use of US national plant germoplasm system. **World Development**, Amsterdam, v.30, n.9, p.1639-1655, 2002.
- VAVILOV, N.I. **Origin and geography of cultivated plants**. Cambridge, Cambridge University Press, 1992. 498p.
- VEIGA, F.R.A. Acervo dos bancos de germoplasma do estado de São Paulo. In: JOLY, C.A.; BICUDO, C.E.M. (eds.). **Biodiversidade do Estado de São Paulo, Brasil: síntese do conhecimento ao final do século XX, 7: infra-estrutura para conservação da biodiversidade**. São Paulo: FAPESP, p.103–109, 1999. Disponível em: <<http://www.biota.org.br/pdf/v72cap04.pdf>>. Acesso em: 9 mar. 2012.
- VELASCO, R.; ZHARKIKH, A.; AFFOURTIT, J. et al. The genome of the domesticate Apple (*Malus x domestica* Borkh.). **Nature genetics**, London, v.42, n.10, p.833-841, 2010.
- VOLK, G.M.; RICHARDS, C.; REILLEY, A. et al. Genetic Diversity and Disease Resistance of Wild *Malus orientalis* from Turkey and Southern Russia. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v.133, p.383-389, 2008.
- VOLK, G.M.; RICHARDS, C.M.; FORSLINE, P.L. A Comprehensive approach toward conserving *Malus* germplasm. **Acta Horticulturae**, Corvallis, v.859, p.177-181, 2010.
- WATKINS, R. Apple and pear. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. (eds). **Evolution of crop plants**. Londres: Longman, 1995, p. 418-422.