

Embrapa

Origem e evolução de plantas cultivadas

Rosa Lía Barbieri
Elisabeth Regina Tempel Stumpf
Editores Técnicos



Origem
e evolução
de plantas
cultivadas



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Clima Temperado
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

Origem e evolução de plantas cultivadas

Rosa Lía Barbieri
Elisabeth Regina Tempel Stumpf
Editores Técnicos

*Embrapa Informação Tecnológica
Brasília, DF
2008*

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Informação Tecnológica

Parque Estação Biológica (PqEB), Av. W3 Norte (final)
CEP 70770-901 Brasília, DF
Fone: (61) 3340-9999
Fax: (61) 3340-2753
www.sct.embrapa.br/liv
vendas@sct.embrapa.br

Embrapa Clima Temperado

Rodovia BR-392, Km 78
Caixa Postal 403
CEP 96001-970 Pelotas, RS
Fone: (53) 3275-8100
Fax: (53) 3275-8221
www.cpact.embrapa.br
sac@cpact.embrapa.br

Coordenação editorial
Fernando do Amaral Pereira
Mayara Rosa Carneiro
Lucilene Maria de Andrade

Supervisão editorial
Rúbia Maria Pereira

Revisão de texto
Jane Baptistone de Araújo
Rafael de Sá Cavalcanti

Normalização bibliográfica
Maria Alice Bianchi

Projeto gráfico, tratamento das
ilustrações e editoração eletrônica
Mário César Moura de Aguiar
Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Capa
Mário César Moura de Aguiar

Fotos da capa
Rosa Lía Barbieri
Luís André Nassr de Sampaio

Mapas da guarda
Frederick de Wit (1660)
Joan Blaeu (1664)

1ª edição

1ª impressão (2008): 3.000 exemplares

Todos os direitos reservados.

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo
ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Informação Tecnológica

Origem e evolução de plantas cultivadas / editores técnicos, Rosa Lía Barbieri,
Elisabeth Regina Tempel Stumpf. – Brasília, DF : Embrapa Informação
Tecnológica, 2008.
909 p. : il.

ISBN 978-85-7383-221-1

1. Alimentação. 2. Biodiversidade. 3. Planta forrageira. 4. Planta ornamental.
I. Barbieri, Rosa Lía. II. Stumpf, Elisabeth Regina Tempel. III. Embrapa Clima
Temperado.

CDD 635

© Embrapa 2008

Autores

Adelar Mantovani

Engenheiro agrônomo, doutor em Ciências Biológicas,
professor da Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages, SC
mantovani@cav.udesc.br

Alessandra Pereira Fávero

Engenheira agrônoma, doutora em Agronomia,
pesquisadora da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF
favero@cenargen.embrapa.br

Alexandre Mariot

Engenheiro agrônomo, M.Sc. em Recursos Genéticos Vegetais,
doutorando da Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC
alexandre_mariot@yahoo.com.br

Alfredo do Nascimento Junior

Engenheiro agrônomo, doutor em Agronomia,
pesquisador da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS
alfredo@cnpt.embrapa.br

Aline Pedroso Lorenz-Lemke

Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular,
pesquisadora da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
aline_lorenz@yahoo.com.br

Ana Lúcia Cunha Dornelles

Engenheira agrônoma, doutora em Agronomia,
professora da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ
al_cunha@terra.com.br

Antônio Costa de Oliveira

Engenheiro agrônomo, pós-doutor em Genética,
professor da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS
antonio.oliveira@pq.cnpq.br

Ariano Martins de Magalhães Júnior

Engenheiro agrônomo, doutor em Fitomelhoramento,
pesquisador da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS
ariano@cpact.embrapa.br

Caroline Marques Castro

Engenheira agrônoma, doutora em Ciências Biológicas,
pesquisadora da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS
caroline@cpact.embrapa.br

Clarisse Palma da Silva

Bióloga, M.Sc. em Genética e Biologia Molecular,
doutoranda da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
clarissepalma@yahoo.com.br

Cláudia Erna Lange

Engenheira agrônoma, doutora em Fitotecnia,
pesquisadora do Instituto Rio Grandense do Arroz, Cachoeirinha, RS
clange@via-rs.net

Claudir Lorencetti

Engenheiro agrônomo, doutor em Agronomia,
melhorista da Alliance One Brasil, Santa Cruz do Sul, RS
clorcetti@aointl.com

Clause Fátima de Brum Piana

Bióloga, M.Sc. em Agronomia, doutoranda da Universidade Federal
de Pelotas, Pelotas, RS
clausepiana@yahoo.com.br

David Hawkins Byrne

Engenheiro agrônomo, doutor em Plant Breeding and Genetics,
professor da Texas A&M University, College Station, Texas, EUA
dbyrne@ag.tamu.edu

Douglas André Mallmann Schmidt

Engenheiro agrônomo, M.Sc. em Agronomia,
doutorando da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS
schmidt@ufpel.edu.br

Eduardo Caierão

Engenheiro agrônomo, M.Sc. em Agronomia,
pesquisador da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS
caierao@cnpt.embrapa.br

Eliane Kaltchuk dos Santos

Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular,
professora da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
eliane.kaltchuk@ufrgs.br

Elisabeth Regina Tempel Stumpf

Engenheira agrônoma, doutor em Agronomia, bolsista pós-doutor júnior do
Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq),
Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS
elisabeth.stumpf@gmail.com

Elisane Schwartz

Engenheira agrônoma, doutora em Agronomia,
engenheira agrônoma da Prefeitura Municipal de Pelotas, RS
elisane.schwartz@gmail.com

Elizete Beatriz Radmann

Engenheira agrônoma, doutora em Agronomia, bolsista pós-doutor júnior do CNPq,
Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS
eradmann@gmail.com

Fábio de Barros

Engenheiro agrônomo, doutor em Biologia Vegetal,
pesquisador do Instituto de Botânica, São Paulo, SP
fdebarros@terra.com.br

Fábio Pinheiro

Biólogo, M.Sc. em Ciências Biológicas,
doutorando da Universidade de São Paulo, São Paulo, SP
biopinheiro@yahoo.com.br

Fernanda Bered

Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular,
professora da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
fbered@portoweb.com.br

Fernando Irajá Félix de Carvalho

Engenheiro agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas,
professor da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS
carvalho@ufpel.edu.br

Gecele Matos Paggi

Bióloga, M.Sc. em Genética e Biologia Molecular,
doutoranda da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
gecelepaggi@yahoo.com.br

Gustavo Heiden

Biólogo, mestrando da Escola Nacional de Botânica Tropical /
Instituto de Pesquisas Jardim Botânico do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ
gustavo.heiden@gmail.com

Igor Pirez Valério

Engenheiro agrônomo, M.Sc. em Agronomia, doutorando
da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS
igorvalerio@gmail.com

Ionara Fátima Conterato

Bióloga, M.Sc. em Zootecnia,
doutoranda da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
ionarafc@yahoo.com.br

Irajá Ferreira Antunes

Engenheiro agrônomo, doutor em Ciências Biológicas,
pesquisador da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS
iraja@cpact.embrapa.br

Irineu Hartwig

Engenheiro agrônomo, doutor em Agronomia,
bolsista pós-doutor júnior do CNPq, Universidade Federal de Pelotas, RS
irineu.hartwig@syngenta.com

Irno Luiz Mallmann

Engenheiro agrônomo, M.Sc. em Fitotecnia,
diretor de Produção e Pesquisa & Desenvolvimento da Alliance One Brasil,
Santa Cruz do Sul, RS
imallmann@aointl.com

Ivandro Bertan

Engenheiro agrônomo, doutor em Agronomia,
pesquisador da Syngenta Seeds, Uberlândia, MG
ivandro.bertan@syngenta.com

Jean Pierre Ducroquet

Engenheiro agrônomo, doutor em Biologie et Physiologie Végétale,
pesquisador da Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural
de Santa Catarina S.A., São Joaquim, SC
ducroquet@epagri.sc.gov.br

João Renato Stehmann

Biólogo, doutor em Biologia Vegetal,
professor da Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG
stehmann@icb.ufmg.br

José Antônio Gonzalez da Silva

Engenheiro agrônomo, doutor em Agronomia,
professor da Universidade Regional do Noroeste do Estado do
Rio Grande do Sul, Ijuí, RS
jose.gonzales@unijui.edu.br

José Eduardo Figueiredo Dornelles

Biólogo, doutor em Geociências,
professor da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS
jose_dornelles@ufpel.edu.br

José Fernandes Barbosa Neto

Engenheiro agrônomo, doutor em Plant Breeding,
professor da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
jfbn@ufrgs.br

José Geraldo de Aquino Assis

Engenheiro agrônomo, doutor em Agronomia,
professor da Universidade Federal da Bahia, Salvador, BA
jose_dornelles@ufpel.edu.br

Karine Louise dos Santos

Engenheira agrônoma, M. Sc. em Recursos Genéticos Vegetais,
professora da Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, RS
karinesantos@cca.ufsc.br

Loreta Brandão de Freitas

Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular,
professora da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
loreta.freitas@ufrgs.br

Luciano Carlos da Maia

Engenheiro agrônomo, M.Sc. em Agronomia,
doutorando da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS
lucianoc.maia@gmail.com

Manoel Abílio de Queiroz

Engenheiro agrônomo, doutor em Genetics and Plant Breeding,
professor da Universidade do Estado da Bahia, Juazeiro, BA
manoelabilio@terra.com.br

Maria Aldete Justiniano da Fonseca Ferreira

Engenheira agrônoma, doutora em Agronomia,
pesquisadora da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF
aldete@cenargen.embrapa.br

Maria do Carmo Bassols Raseira

Engenheira agrônoma, doutora em Plant Science,
pesquisadora da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS
bassols@cpact.embrapa.br

Maria Jane Cruz de Melo Sereno

Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular,
professora da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
sereno@ufrgs.br

Maria Teresa Schifino-Wittmann

Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular,
professora da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
mtschi@ufrgs.br

Mariangela dos Santos

Engenheira agrônoma, M.Sc. em Fitotecnia,
geneticista da Alliance One Brasil, Santa Cruz do Sul, RS
msantos@aointl.com

Maurício Sedrez dos Reis

Engenheiro agrônomo, doutor em Agronomia,
professor da Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC
msreis@cca.ufsc.br

Miguel Pedro Guerra

Engenheiro agrônomo, doutor em Ciências Biológicas,
professor da Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC
mpguerra@cca.ufsc.br

Miriam Valli Büttow

Bióloga, M.Sc. em Agronomia,
doutoranda da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, RS
miriamvb@gmail.com

Neusa Steiner

Engenheira agrônoma, M.Sc. em Recursos Genéticos Vegetais,
professora da Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC
neusasteiner@yahoo.com.br

Noryam Bervian Bispo

Engenheira agrônoma, M.Sc. em Agronomia,
doutoranda da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
nory.bispo@gmail.com

Paula Wiethölter

Bióloga, M.Sc. em Fitotecnia,
doutoranda da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
paulawiet@gmail.com

Raquel Silvana Neitzke

Engenheira agrônoma, M.Sc. em Agronomia,
doutoranda da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS
raquelsilvana@gmail.com

Renato Ferraz de Arruda Veiga

Engenheiro agrônomo, doutor em Ciências Biológicas,
pesquisador do Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, SP
veiga@iac.sp.gov.br

Ricardo de Azevedo Lourenço

Engenheiro agrônomo, supervisor do Departamento Estadual de Proteção
dos Recursos Naturais, Ubatuba, SP
skilat@uol.com.br

Roberto Lisbôa Romão

Engenheiro agrônomo, doutor em Recursos Fitogenéticos,
professor da Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, BA
romaoroberto@gmail.com

Rodrigo Cezar Franzon

Engenheiro agrônomo, doutor em Agronomia,
pesquisador da Embrapa Cerrados, Brasília, DF
rcfranzon@hotmail.com

Rosa Lía Barbieri

Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular,
pesquisadora da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS
barbieri@cpact.embrapa.br

Rubens Onofre Nodari

Engenheiro agrônomo, doutor em Genética,
professor da Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC
nodari@cca.ufsc.br

Síntia Zitzke Fischer

Engenheira agrônoma, M.Sc. em Agronomia,
doutoranda da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS
sintiafischer@gmail.com

Tatiana de Freitas Terra

Bióloga, M.Sc. em Agronomia,
doutoranda da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS
tdfterra@yahoo.com.br

Valmor João Bianchi

Engenheiro agrônomo, doutor em Agronomia,
professor da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS
vbianchi@ufpel.tche.br

Prefácio

A consciência sobre nossa responsabilidade pela preservação do meio ambiente é uma realidade nos debates acadêmicos, no meio político, assim como para a maioria da população. Sem condições que lhe garantissem a reprodução da vida, a sociedade humana simplesmente desapareceria. Mas isso não é tudo; outros debates permeiam nossas preocupações.

Em tempos de mudanças climáticas, de demanda por mais alimentos, por matérias-primas e por biocombustíveis, nada mais oportuno do que refletirmos sobre nossas conquistas e nosso destino, tendo como cenário a relação sociedade/natureza, bem como a busca de um estilo de agricultura que contribua cada vez mais para a sustentabilidade em suas múltiplas dimensões. O livro *Origem e evolução de plantas cultivadas*, organizado por Rosa Lía Barbieri – pesquisadora da Embrapa Clima Temperado –, e por Elisabeth Regina Tempel Stumpf – bolsista pós-doutor júnior do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) –, leva-nos a essa saudável discussão.

É bom lembrar a pesquisadores, professores, estudantes e curiosos de um vasto conjunto de ciências biológicas, desde a botânica até a fitotecnia, passando por sistemática, genética, recursos genéticos, melhoramento vegetal, citogenética e biologia molecular e celular, que todos eles terão nesta obra uma companhia indispensável, há muito tempo reclamada em nossa literatura.

O acúmulo de conhecimentos ao longo da história e da evolução da sociedade, incluindo os recursos oferecidos pelo desenvolvimento científico dos tempos recentes, sem dúvida facilita a organização de um livro que trate da origem e da evolução de plantas cultivadas. Quem imaginaria a execução dessa tarefa, há algumas décadas ou séculos, sem a realização de viagens ou de pesquisas diretamente nos centros de origem das espécies relatadas neste livro? A audácia dos navegadores, ou dos conquistadores da Idade Média, teria sido insuficiente para uma obra dessa magnitude. A evolução das modernas academias científicas, dos programas de pós-graduação, de pesquisa e desenvolvimento, bem como o intercâmbio científico e o acesso à informação digital são, evidentemente, condições necessárias para a obra, porém não são suficientes. Nesse caso, a tarefa não foi planejada nem executada sob a égide de um cientificismo triunfante, em que a ciência pretendesse deter o monopólio sobre o conhecimento válido. A obra contempla a preocupação com relatos de corte acadêmico, primando, dessa forma, pelo rigor científico, mas sempre valorizando os conhecimentos produzidos em mais de 10 mil anos de história da agricultura, ou melhor, das plantas cultivadas.

Não é objetivo deste livro tratar de biogeografia ou de geopolítica, nem da saga humana em busca de novos espaços, e tampouco de ocupação territorial, de expansão de poder ou da busca de ouro ou de outros metais preciosos, de especiarias ou de escravos, embora ele considere o fato de esses movimentos terem provocado o intercâmbio de conhecimentos, o mapeamento de novas espécies e de habitats, contribuindo, assim, para a disseminação de muitas das espécies aqui estudadas. Esse foi um lento e poderoso processo de coevolução, em que sistemas sociais e sistemas naturais produziram impactos e respostas uns sobre os outros, às vezes resultando no desaparecimento de espécies, ou até mesmo de grupos sociais, pela eleição de estratégias equivocadas.

Além disso, o silencioso trabalho de coletores e de camponeses, de populações indígenas e de agricultores de todos os tipos – cada um deles interpretando os sinais da natureza e usando estratégias próprias de determinado contexto histórico e cultural – legou-nos o que atualmente conhecemos como plantas cultivadas. O longo percurso do teosinto do altiplano mexicano à enorme variabilidade genética hoje encontrada no milho é apenas um exemplo paradigmático. À herança dos conhecimentos práticos, tradicionais ou autóctones, podemos agregar o conhecimento científico resultante deste livro.

Por sua diversidade e abrangência, esta obra conta com a colaboração de nada menos que 64 autores, entre pesquisadores da Embrapa, professores universitários, estudantes de pós-graduação e profissionais de instituições de pesquisa e do Terceiro Setor. O fôlego das organizadoras para colocar junto o que de mais representativo existe sobre o assunto, em termos de Brasil, demonstra o esmero, a dedicação e o esforço delas para presentear a literatura científica nacional com algo distinto.

O primeiro capítulo, que dá o tom ao maravilhoso passeio pela história das plantas na Terra, trata das alterações na tectônica do planeta e de suas implicações sobre a ocorrência, a evolução ou o desaparecimento das espécies vegetais. Nesse sentido, vale lembrar que, em alguns cataclismos, quase toda a vida sobre a Terra foi dizimada. Em alguns casos, houve perda de 95 % da biodiversidade existente. Contou-se, no entanto, com a maravilha da evolução da vida, a qual permitiu que a diversidade se reconstituísse e presenteasse a espécie humana com um conjunto de opções que resultou no que somos hoje, o que aumenta nossa responsabilidade e nos compromete com a preservação desse legado.

Milhões de anos se passaram até que a domesticação das espécies se iniciasse há cerca de 15 mil anos de nossa época: um tempo recentíssimo, que demonstra, indubitavelmente, o resultado da arte e da habilidade do homem de distinguir-

se por sua capacidade de pensar. Nem sempre na melhor direção, é bem verdade, mas de forma que isso o fizesse sentir-se superior aos animais das demais espécies, levando-o, literalmente, a liquidar espécies afins, a exemplo do homem de Neandertal, que habitou a Europa bem antes de ali chegarem nossos antepassados.

A saga da transição do coletor/caçador para a condição de agricultor é fantástica e fenomenal. Uma das primeiras cenas do filme *2001: uma odisséia no espaço* retrata essa passagem. Ao bater com força sobre o solo, com um osso, que provavelmente deveria ser um fêmur, um hominídeo descobre que, a partir dali, outros ossos, que não os dele, poderiam ser quebrados. Inicia-se, assim, a arte da guerra armada. No nosso entender, o mesmo deve ter se dado em relação à multiplicação vegetativa e à sua relação com a agricultura.

Imaginamos que, em algum momento, em algum lugar, um rebolo de cana, ou uma maniva de mandioca, deva ter atingido a cabeça de alguém. Em virtude do choque, possivelmente esse rebolo, ou essa maniva, tenha se partido em pedaços e caído em local fértil; e, depois de semanas, ou após meses, os contendores (provavelmente os vencedores) devem ter notado que outras plantas de cana-de-açúcar, ou de mandioca, brotavam misteriosamente no local da luta. Assim, com um grande esforço, certamente eles se recordaram que, ao remeter sua arma (um pedaço do colmo), essa se quebrara e alguns de seus pequenos pedaços foram lançados à deriva. Pelo menos essa é uma de nossas imagens da descoberta da agricultura, via material vegetativo.

No entanto, entre as espécies reproduzidas por sementes a história deve ter sido outra. Talvez depois de um longo período de seca, com caças a cada dia mais escassas, e, portanto, sem a deliciosa carne, tenha restado ao homem – e aos animais que com ele conviviam – valer-se dos cereais e dos frutos que encontrava, o que lhe fez constatar que, por onde passava, ou nos sítios em que parava, na incessante busca pela vida e pelo alimento, quando do retorno, e após as chuvas, plantas semelhantes nasciam e até frutificavam. Deve ter sido difícil entender aquele milagre, mas as mulheres dos grupos, especialmente, devem ter passado a observar que, ao enterrarem alguns grãos, por forças que elas jamais poderiam compreender algumas plantas iguais às dos grãos enterrados começavam a brotar.

Em outros momentos, talvez na tentativa de afastar o fantasma da fome que lhes ameaçava a vida, assim como ameaçara a vida de seus antepassados desde tempos imemoriais, possivelmente alguém tenha enterrado a sobra de alguma refeição – na forma de sementes ou de grãos – tentando com isso preservá-la ou para o futuro, ou para um momento de privação. Daí para a formação de

novos espaços produtivos, ou de colheita, deve ter sido somente uma questão de tempo. O homem atuou, assim, como uma espécie de Rei Midas da natureza: sua simples presença era suficiente para mudar a vegetação do local. Essa é outra imagem possível para explicar o início da agricultura que até o presente conhecemos.

Outra consideração que julgamos pertinente diz respeito às estratégias de apropriação da natureza de forma mais ampla, e não só em relação às plantas utilizadas na alimentação. Durante a história da civilização humana, certamente houve também um progressivo processo de tentativas para diminuir o esforço empenhado na obtenção de alimento, com a conseqüente geração de artefatos, principalmente com o uso da madeira como matéria-prima. Muitos dos equipamentos até hoje usados por agricultores e populações tradicionais seriam, portanto, produtos desse processo. Entretanto, a criatividade não parou por aí. Depois de conseguir o alimento, sobrou ao homem tempo para dedicar-se à estética e à melhoria da qualidade de vida do lugar de repouso. Por aí passaria um pouco da história tanto das plantas ornamentais como das condimentares, que, tal como a de algumas espécies arbóreas, é também enfocada nesta obra.

Um aspecto a ser destacado é o papel das mulheres na coleta e na guarda de sementes (com grande relevância para a evolução das plantas cultivadas), que remete a um debate contemporâneo: o papel do gênero na agricultura. Francis Bacon, um dos precursores da ciência como a praticamos atualmente, ao defender a apropriação da natureza dizia que deveríamos torturá-la tal como se tortura uma mulher, para extrair dela os segredos. Hoje temos outra visão: a de coevolução em lugar da do domínio. No campo científico, as mulheres também foram protagonistas, o que comprova a edição deste livro.

Voltando ao livro, cabe dizer que o seu conteúdo é amplo e leva a uma profunda reflexão. Trata da maioria dos cereais em uso. Do nosso tão atual arroz, cujo centro de domesticação se encontra na Ásia, o qual é símbolo de civilizações milenares, como a dos chineses e a de seus vizinhos coreanos, vietnamitas, malaios, japoneses, filipinos, bem como da não menos antiga civilização indiana. O arroz, que aqui decidimos eleger como representante de todos os cereais, ganhou o mundo, adaptou-se à culinária de povos bem distantes, tais como os africanos e os americanos, assim como aos mais diferentes paladares. Por ser tão popular, basta uma redução em sua produção para que isso cause levantes sociais, furor e desespero em todo o mundo. Sobre esse nobre cereal, há que se fazer uma referência especial a respeito de sua adaptação no Brasil. Somos o País em que o arroz de sequeiro representa uma área considerável de produção, quase o equivalente à área de arroz irrigado. Esse fenômeno é um importante passo na

evolução de uma cultura originalmente selecionada para cultivo em ambientes úmidos, predominantes na área de abrangência da Embrapa Clima Temperado.

Quanto às frutas, uma ampla coleção de espécies frutíferas mereceu a atenção dos autores e das organizadoras, a qual compreende desde a goiabeira-serrana que, em outras regiões do Brasil, é conhecida como feijoa, com seu inconfundível aroma e sabor, até as culturas domesticadas em épocas tão remotas quanto a dos primeiros cereais, como a uva, por exemplo: interessante por ser símbolo de uma alimentação luxuriante. Em qualquer representação de alimentos, depois do leite e de um cereal um cacho de uva é indispensável. Os textos religiosos, ou laicos, da maioria das grandes civilizações euro-índicas, invariavelmente citam a uva e tratam das delícias dessa fruta e do vinho que dela é produzido. Há, porém, algo de especial nisso tudo. Até pouco tempo atrás, a parreira simbolizava a fruticultura de climas mais amenos e de regiões temperadas. Não é que uma vez mais a profunda inquietação da espécie *Homo sapiens* – caracterizada pelos extremos – fez que uvas de mesa fossem colhidas e vinhos de excelente qualidade passassem a ser produzidos em áreas tropicais, ao lado da Linha do Equador?

Da África vem a história saudosa da melancia, trazida por nossos irmãos que, ao deixarem sua pátria e suas famílias, e rumarem em direção a destino incerto e ao exílio em terras jamais imaginadas – as Américas –, tentaram trazer, com muito custo, as plantas que representavam suas aldeias e sua vida, sua infância e seus sabores. Ainda entre as Cucurbitáceas é importante destacar o exemplo local das abóboras e das morangas, tão bem selecionadas por vários povos das mais diversas regiões do País.

As plantas ornamentais, como as bromélias, as petúnias e as rosas, também estão documentadas em capítulos deste livro. O exemplo mais expressivo da civilização humana é o gosto pelo belo, pela ornamentação das cidades, das ruas, das praças, dos jardins, dos alpendres e do pequeno jarro a embelezar as salas. Continuamos, ainda hoje, a redescobrir opções de usos de nossas plantas todos os dias. Do pequeno ananás às bromélias, que intrigam e apaixonam os mais exigentes decoradores e as insuspeitas donas de casa, passando pelas orquídeas, todas são enfocadas nesta obra.

Em tempos de escassez e de redefinição da matriz energética mundial, não poderiam deixar de constar aqui capítulos tratando das espécies madeireiras e oleaginosas, e, nesse aspecto, temos belas apresentações sobre as araucárias, bem como sobre uma cultura que voltou ao dia-a-dia da produção agrícola mundial: a mamona, que, de planta produtora de óleo de rícino, passou a ser explorada como uma das principais fornecedoras de óleos para uma ampla aplicação industrial, incluindo-se como matéria-prima na produção de biodiesel.

E as especiarias? Estariam fora dessa nossa viagem pela vida vegetal no planeta? Claro que não. É aí que as pimentas vêm à tona e insistem em nos lembrar quão imprescindíveis foram os temperos em todas as civilizações, para complemento e enriquecimento dos sabores. Não é à toa que um dos mais importantes capítulos da história humana se deu quando os europeus tiveram de descobrir outras rotas para abastecer seu mercado de temperos. Foi aí que o largo e belo Atlântico foi desbravado, e as caravelas, que pareciam “casquinhas de nozes”, chegaram às praias americanas. Primeiramente, às paradisíacas ilhas caribenhas; e, em seguida, a portos das Américas do Norte e do Sul.

A expansão das plantas cultivadas esconde um grande paradoxo. Por um lado, as regiões que atualmente são as maiores exportadoras de commodities agrícolas há 500 anos nem sequer conheciam os produtos que hoje exportam. Por outro lado, muitas espécies “descobertas” com os “novos” territórios, como o milho, a batata e o tomate, para citar apenas três exemplos, ocuparam novas áreas outrora destinadas a cultivos “tradicionais”. Ocorre, no entanto, que esse movimento de contingentes humanos, de novos cultivos, de animais e de microrganismos, resultou no que Alfred Crosby (no livro *Imperialismo ecológico*) denomina “conquista ecológica”, dado o caráter invasivo daquilo que os novos habitantes trouxeram consigo, aí incluídas as doenças, que acabaram com populações nativas; e as novas espécies, que desalojaram as originais provocando, com isso, uma verdadeira erosão genética. Com certeza, a manutenção da agrobiodiversidade é tema premente em qualquer lugar ou instituição que trabalhe com processos de melhoria de plantas cultivadas.

Este livro consistirá, portanto, numa das referências, no que tange aos recursos genéticos vegetais, à origem e à evolução das plantas cultivadas. Esperamos que em breve seja traduzido para outros idiomas, de forma que a contribuição deste seletor time, que tão bem representa a ciência brasileira, possa ser partilhada com irmãos de outros países da América e de outros continentes.

Para finalizar, permitimo-nos aqui a citação de um trecho – adaptado pelos autores – do livro *Poema do milho*, de Cora Coralina:

Cheiro de terra, cheiro de mato. Terra molhada depois da noite chuvada, relampeada. Tempo mudado, dando sinais. Observatório... Calendário... Astronomia do lavrador, que planta com fé religiosa, sozinho, silencioso. Cava e planta. Gestos pretéritos, imemoriais. Liturgia milenária, ritual de paz. Em qualquer parte da Terra um homem estará sempre plantando. Recomeçando o mundo. Recriando a vida.

José Geraldo Eugênio de França
Diretor-Executivo
Embrapa

João Carlos Costa Gomes
Chefe-Adjunto de Comunicação e Negócios
Embrapa Clima Temperado

Apresentação

Esta obra nos oferece a possibilidade de realizar um belo passeio imaginário pela origem e evolução de várias plantas fundamentais em nosso cotidiano, que muitas vezes nos passam despercebidas.

Desde as remotas aventuras das rotas das antigas navegações (1492–1600), quando a busca por especiarias induziu expedições de coleta e estabeleceu fluxos de permuta de germoplasma, o intercâmbio de plantas e de conhecimentos estreitou as relações entre os continentes. Contudo, ainda hoje a troca de saberes e de receitas culinárias nos aproxima e desperta nossos instintos. Plantar, criar, multiplicar, conservar, embelezar, viver!

No conjunto dos capítulos deste livro, a criatividade das editoras Rosa Lía Barbieri e Elisabeth Regina Tempel Stumpf permite-nos acompanhar a trajetória histórica do cultivo de um significativo número de plantas de usos variados, entre os quais o culinário, o ornamental e o forrageiro. Oferece-nos, ao mesmo tempo, um consistente trabalho de resgate e de valorização da biodiversidade, além de provocar nossa imaginação no que tange à capacidade criativa do homem na adaptação dessas diferentes espécies aos agroecossistemas regionais.

As espécies abordadas – importantes na alimentação humana e/ou animal, como fontes agroenergéticas, como recicladoras e recuperadoras de solo, no resgate de carbono atmosférico, assim como em seus aspectos ornamentais – desempenham papel crucial em nosso dia-a-dia, e serão cada vez mais estratégicas para a qualidade de vida no planeta Terra.

Sendo assim, a Embrapa Clima Temperado tem a satisfação de disponibilizar este trabalho, que certamente não só servirá como fonte de consulta e de inspiração para acadêmicos, para profissionais e para a sociedade em geral, como será também obra de referência no tema.

Waldyr Stumpf Junior
Chefe-Geral
Embrapa Clima Temperado

Sumário



O início

Entendendo a história da vida na Terra em tempo geológico, 21



Domesticação das plantas

A síndrome que deu certo, 37



Abóboras e morangas

Das Américas para o mundo, 59



Alfafa

A rainha das forrageiras: dos hititas à era da genômica, 89



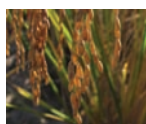
Amendoim

Domesticação pelos indígenas, 121



Araucária

Evolução, ontogênese e diversidade genética, 149



Arroz

Alimentando a humanidade há milênios, 185



Aveia

De vilã a heroína, a domesticação de uma planta invasora, 209



Batata

O pão nosso das Américas, 219



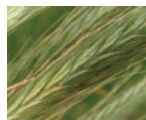
Bromélias

A beleza exótica do Novo Mundo, 235



Cebola

Das lágrimas ao sabor, 253



Centeio

Aspectos evolutivos e potencialidades, 267



Cevada

História e evolução, 287



Citros

Espécies ou híbridos?, 313



Cravos e cravinas

Aromas, cores e sabores muito além do jardim, 337



Feijão

Sua história e seu futuro, 357



Fumo

Espécie repleta de história, 377



Gérbera

Um capítulo à parte, 403



Goiabeira-serrana

Domesticação, 415



Leucena

Do México para o mundo, a globalização das árvores de mil e uma utilidades, 437



Lupinus

A fascinante (e ainda controversa) história evolutiva dos tremoços e seus parentes, **465**



Mamão

Delícia centro-americana, **497**



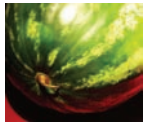
Mamona

O redescobrimto, **507**



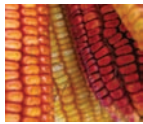
Maracujá

A religiosidade como agente dispersor, **531**



Melancia

História africana de dar água na boca, **553**



Milho

Uma cultura sob domínio humano, **575**



Morangos

História que une dois continentes, **599**



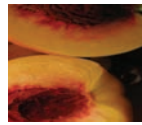
Orquídeas

Algo mais que belas flores, **619**



Palmito

Domesticação em paisagem natural, **651**



Pessegueiro

Tradição e poesia, **677**



Petúneas-de-jardim

Conhecendo as espécies silvestres para entender a planta cultivada, **707**



Pimentas do gênero Capsicum

Cor, fogo e sabor, **727**



Rosas

História que antecede a humanidade, **747**



Soja

Uma história de sucesso, **779**



Tomate

Presente dos astecas para a gastronomia mundial, **803**



Trigo

A cultura que deu suporte à civilização, **819**



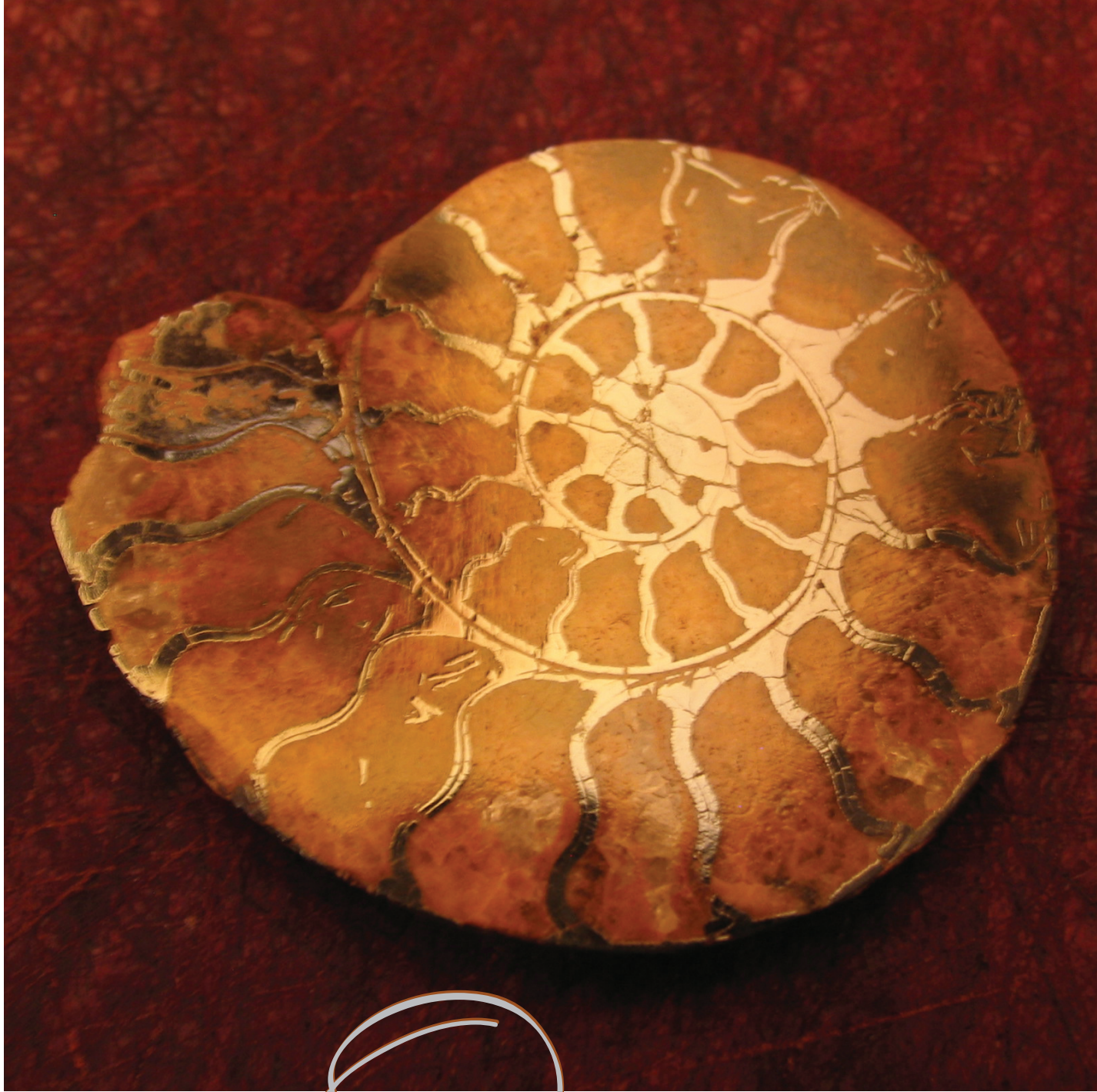
Triticale

Um híbrido intergenérico para uma agricultura moderna, **853**



Uva

Da Antigüidade à mesa de nossos dias, **891**



início

Entendendo a história da vida na Terra em tempo geológico

Foto: Rosa Lía Barbieri





José Eduardo Figueiredo Dornelles

A biografia da Terra e os 4,5 bilhões de anos de contínuas modificações geológicas internas e externas pelas quais o planeta passou e vem passando nos fazem compreender a analogia de que, segundo a teoria de Gaia, a Terra é uma espécie de “ser vivo”, dotada de biografia, complexa de se testar em tempo recente (aquele palpável pela perspectiva da espécie humana), mas eternizada no livro das rochas e interpretada somente em tempo profundo. O conceito de tempo profundo talvez tenha surgido da necessidade constante do homem de estabelecer uma idade para a Terra. A crescente complexidade das ciências geológicas forçou constantes mudanças na referência da idade de nosso planeta desde alguns milhares de anos até os atuais e inimagináveis 4,5 bilhões de anos.

O estudo do tempo geológico nasceu da busca pela compreensão da idade das várias camadas de rochas encontradas na Terra. A partir da constatação básica de que existiam rochas mais jovens e rochas mais antigas,

desenvolveu-se uma série de áreas do conhecimento geológico, como a estratigrafia (área da geologia que estuda as seqüências de camadas de rochas, com o objetivo de definir os processos e eventos que a determinaram) e a paleontologia (do grego *palaios* = antigo + *logos* = estudo), que é ciência que estuda os fósseis ou restos e vestígios de organismos mineralizados que existiram ao longo do registro geológico da Terra.

A formação do planeta Terra: entendendo sua origem e constituição

De acordo com muitos autores, a formação do Universo teve seu início há aproximadamente 13 bilhões de anos e está ainda em expansão. O Sol, como parte desse Universo, tem papel muito importante na formação da Terra. Isso se dá pelo fato de que infinitas nebulosas gasosas, que comprovadamente se condensam na órbita do Sol, dão origem a novos planetas.

Existe uma hipótese de que pequenos planetas com escala semelhante à da Terra, ainda incandescentes, poderiam assumir um comportamento, no qual deveriam colidir com planetas menores e incorporá-los à sua massa, tornando-se gradativamente maiores. Sustenta-se a idéia de que, nos intermitentes choques de meteoritos e agregações de novos pequenos planetas à sua massa, cada vez maior, a Terra possivelmente convertia a energia de tais eventos na forma de calor. Sendo assim, centenas de graus promoviam a fusão superficial dos materiais e a manutenção de um verdadeiro oceano de rocha fundida, uma espécie de “oceano magmático”. Tal conspícuo oceano daria à Terra um aspecto de esfera incandescente, se fosse vista do espaço nesse período.

Por volta de 4,3 bilhões de anos, a Terra iniciou um processo de resfriamento por meio do desprendimento de gases e vapores. Dos vapores ocorrentes, havia um,

considerado importante para todas as atuais formas de vida da Terra: o vapor de água. Presume-se que, por sua baixa densidade, o vapor de água elevava-se e, à medida que se afastava da superfície magmática, perdia calor e se transformava em água líquida, precipitando-se em forma de chuva. Embora os continentes ainda não existissem (pelo menos no modo como os visualizamos hoje), o intermitente processo de precipitações promoveu não somente um contínuo resfriamento da camada magmática na superfície, mas também o acúmulo de grande quantidade de água. Sob essa interpretação, nosso planeta talvez tenha formado, ao longo desse processo, uma lâmina de recobrimento aquoso com profundidade média de 4 mil metros. É possível que o resfriamento constante do planeta tenha dado origem a grandes extensões de rochas basálticas. Além disso, a presença rara de rochas graníticas (até o momento, a existência de granito só é confirmada na Terra) sugere que essas camadas basálticas tenham sido submetidas a uma nova fusão, ocorrida em grandes profundidades. Estima-se que essa profundidade tenha atingido dezenas de quilômetros abaixo da superfície incandescente em resfriamento, e que a água acumulada desse resfriamento tenha se incorporado às massas basálticas em reinclusão, dando origem ao granito. Em outras palavras, o granito é tipicamente uma rocha terrestre e não teria se formado sem a presença da água.

Uma pergunta que se torna pertinente no momento é: que fenômeno explicaria a condução das camadas basálticas superficiais, mais a água acumulada a dezenas de quilômetros abaixo da crosta terrestre? Sabe-se que o granito, assim formado, exibe densidade menor que o basalto e, dessa forma, veio a emergir até a superfície para, finalmente, dar início à origem das massas continentais que, como hoje, encontrar-se-iam cercadas pelo então recém-acumulado oceano primitivo. Constata-se que, já por volta dos 4 bilhões de anos, fenômenos de tectônica de placas, que serão definidos mais adiante neste capítulo, atuavam consumindo e gerando novos tipos de rochas: surgem, então, os continentes.

Origem e mudanças dos seres vivos ao longo das eras geológicas: a compreensão do tempo profundo

As eras geológicas constituem uma forma organizada e convencional, criada pela geologia, para que se possa entender a vertiginosa sucessão de rochas, por meio da combinação espaço versus tempo. Os eventos geológicos, responsáveis por essas sucessões, são fenômenos naturais de nosso planeta. É possível entendê-los e interpretá-los graças às pistas deixadas sob a forma de registros. Os registros mais importantes são aqueles relacionados a formas de vida, as quais, ao longo do passado geológico, pertenceram à biocenose (conjunto de seres vivos de um ecossistema) e, hoje, encontram-se inseridas e acumuladas nas rochas, fazendo parte da orictocenose (associações de fósseis). Nesse sentido, podemos entender o surgimento e a transformação sucessiva da vida em nosso planeta, por meio de seus registros, os quais podemos chamar, analogamente, de “o livro das rochas”. Entender o livro das rochas é uma tarefa fantástica, pois, a cada letra, palavra, linha, parágrafo e capítulos dessa enigmática obra, desdobram-se não somente segundos, minutos e algumas horas, claramente dimensionáveis para a vida humana, mas inimagináveis milhões de anos. Dessa forma, encontrar, classificar e correlacionar a vida passada de nosso planeta torna-se uma tarefa difícil. Em outras palavras, não somos uma espécie adaptada para perceber registros em uma escala de tempo muitas vezes superior àquela própria da história da humanidade. Esse é o desafio do “tempo profundo”, termo usado por Charles Lyell em seu livro *Principles of Geology* e classificado como imensurável e incompreensível para o universo visível ao ser humano (LYELL; SECORD, 1842). A geologia faz referência ao tempo profundo quando busca exemplificar intervalos de tempo inimagináveis, ao longo dos quais os eventos geológicos menos perceptíveis têm a capacidade de alterar significativamente um continente inteiro.

Quando os primeiros fósseis (do grego *fossilis* = extraído da terra) foram encontrados, as interpretações dadas a eles orbitavam dentro de uma concepção dogmática, calculada pelo bispado da Igreja Anglicana, o qual se baseava no Velho Testamento, que postulava uma Terra com 6 mil anos de idade. Tomava-se como referência uma escala de tempo baseada na genealogia das tribos de Israel. Faltava, até o momento, a visão de um tempo quase que infinitamente profundo para a percepção dos sentidos humanos.

A imensa quantidade de registros encontrados nos vários tipos de rochas, principalmente naquelas consideradas fossilíferas, manifesta as evidências necessárias para que possamos compreender que não somente a Terra, mas também os seres vivos que nela habitam surgiram e vêm constantemente se modificando, gerando, com isso, um sucessivo, complexo e contínuo registro geológico da vida. Os fósseis nos mostram que os fenômenos do passado geológico, responsáveis pelo seu surgimento e constante modificação, continuam agindo hoje da mesma forma. Por meio do acúmulo de milhões de anos de diversidade biológica (melhor dizendo, de paleodiversidade), foi possível entender as constantes e lentas modificações por que passaram muitas linhagens de organismos, originando continuamente novas espécies.

A história geológica da vida e seus eventos mais importantes

O período Pré-Cambriano se estendeu desde o início da Terra (4,5 bilhões de anos) até aproximadamente 570 milhões de anos atrás. Ao longo desse intervalo de tempo, a vida nos oceanos primitivos se modificou, e os seres pouco complexos, microscópicos e pelágicos (que flutuavam pela subsuperfície oceânica) se tornaram os primeiros indivíduos mais complexos, que hoje conhecemos como vermes. Ao longo do período Pré-Cambriano, ficaram registrados os eventos mais importantes da história de nosso planeta:

a) os registros mais antigos dos movimentos das placas tectônicas; b) o início da vida na Terra, com o aparecimento das primeiras células eucarióticas; c) a formação da atmosfera tal qual a conhecemos; d) o registro dos animais e vegetais mais primitivos.

O período Cambriano está compreendido entre 542 milhões e 488,3 milhões de anos atrás, aproximadamente. Divide-se em Cambriano Médio e Superior. Ao longo desse período, está registrada a maior paleodiversidade de todos os períodos, até o momento. Esse evento é bem conhecido na paleontologia como “explosão cambriana”, em virtude do tempo relativamente rápido com que essa paleodiversidade de espécies surge. O Cambriano é um importante período para o entendimento da história da vida na Terra, pois, para a zoologia atual, serve como o período de tempo em que a maioria dos grupos principais de animais apareceram pela primeira vez na escala zoológica, ou seja, no registro fóssil. Os grupos zoológicos, encontrados nas camadas desse período, mostraram uma rica diversificação: anelídeos, artrópodes, braquiópodes, equinodermos, moluscos, onychophorídeos, esponjas e priapulídeos. Ao longo do Cambriano Superior, surgem os primeiros registros de braquiópodes, trilobitas e equinodermos. Registra-se para esse período uma tendência de diversificação das algas.

O período Ordoviciano está compreendido entre 488,3 milhões e 443,7 milhões de anos atrás, aproximadamente. Invertebrados marinhos diversos (trilobitas e braquiópodes) são os grupos mais abundantes nas rochas desse período. A paleogeografia era definida pelo Hemisfério Norte quase que inteiramente submerso pelo oceano. As massas continentais concentravam-se ao sul sob a forma do supercontinente do Gondwana. Seus sedimentos marinhos mostraram conter fósseis importantes de peixes primitivos, cefalópodes, corais, crinóides e gastrópodes. Descobertas relativamente recentes de esporos preservados de plantas, similares àqueles de atuais

plantas primitivas terrestres, sugerem aos paleontólogos que elas teriam conquistado a Terra nesse período. Suas principais novidades estruturais, que viabilizaram sua expansão terrestre, foram o aparecimento de raízes, estruturas cuticulares e esporos resistentes ao ressecamento ambiental.

As extinções em massa registradas ao longo do Ordoviciano Superior foram uma consequência do posicionamento do Gondwana no Pólo Sul. Geleiras maciças tomaram forma, o que, segundo os registrosossilíferos, causou provavelmente a extinção de muitos gêneros conhecidos. No caso dos invertebrados marinhos, cerca de 25 % de todas as famílias foram extintas.

O período Siluriano está compreendido entre 443,7 milhões e 416 milhões de anos atrás, aproximadamente. Durante o Siluriano, surgem as primeiras plantas terrestres dotadas de traqueídeos e estômatos. Esse período foi especialmente importante para os vertebrados, até então agnatos (sem mandíbula), pois marcou o registro dos primeiros gnatostomados (seres dotados de mandíbula), por intermédio da descoberta de peixes mandibulados.

O período Devoniano está compreendido entre 416 milhões e 359,2 milhões de anos atrás, aproximadamente. Em suas rochas, encontram-se os primeiros registros de anfíbios, plantas licopsídeas e as pró-gimnospermas.

O período Carbonífero está compreendido entre 359,2 milhões e 299 milhões de anos atrás. Esse período proporcionou condições ideais para a formação de carvão, além de ter sido especialmente importante para a história evolutiva dos vertebrados. Foi nele que surgiu o ovo amniótico. Esse tipo de ovo, que surgiu inicialmente nos répteis e depois nos antepassados dos pássaros e mamíferos primitivos (aplacentários), revolucionou a forma de reprodução entre os vertebrados anamnióticos (peixes e anfíbios), que, até então, dependiam da umidade ambiental (para evitar o ressecamento do embrião) para o desenvolvimento de seus ovos. Tal ovo permitiu, de certa forma, a ocupação de novos nichos ecológicos, longe dos

cursos d'água, continente adentro. Importantes achados de anfíbios labirintodontes marcam a forte expansão desse grupo nesse período. O ovo amniótico promoveu a dispersão territorial dos répteis. Suas formas mais basais, como os cotilossauros (répteis-tronco), foram identificadas nesse período.

O registro de temperaturas suaves durante o Carbonífero promoveu o declínio das licófitas e de alguns grupos de insetos gigantes. Além disso, auxiliou na expansão de grandes florestas de plantas vasculares, como os licopsídeos, os esfenopsídeos e as samambaias. Surgem nesse período os primeiros insetos alados. O Carbonífero é dividido em Pensilvaniano (Carbonífero Superior), identificado pelas grandes jazidas de carvão, e em Mississípiano (Carbonífero Inferior), marcado por camadas de fósseis marinhos (corais, conodontes, crinóides e briozoários).

O período Permiano é delimitado entre 280 e 245 milhões de anos. Mudanças climáticas globais, como aridez crescente, contrastam radicalmente com as feições paleoclimáticas caracteristicamente úmidas vistas no período Carbonífero. A paleodiversidade faunística e florística (marcada pela diversificação das gimnospermas) é bem menos exuberante do que aquela vista ao longo de todo o Carbonífero. A grande explosão de diversidade observada nos anfíbios do Carbonífero é marcada por um relativo declínio ao longo do Permiano. Ademais, os répteis têm sua supremacia marcadamente ascendente nesse período, até aproximadamente o final do Mesozóico. Grandes extinções ao final do Permiano marcam o registro do desaparecimento de vários grupos de invertebrados e vertebrados, que haviam dominado durante todo o paleozóico.

O período Triássico está compreendido entre 251 milhões e 199,6 milhões de anos atrás, aproximadamente. Florestas de gimnospermas e samambaias gigantes são relativamente abundantes nas formações triássicas de todo o mundo. Licopsídeos, equisetales, cicadales, coniferales, ginkgoales

e cicadeoidales têm registros importantes ao longo desse período. Uma das características mais importantes do Triássico é que nele surge um grupo importante de vertebrados denominados de sinápsidos. Esses estão relacionados diretamente com as linhagens que deram origem aos mamíferos atuais. Durante o Triássico, estão registrados, em seus sedimentos, os dinossauros mais antigos, denominados de prossaurópodos. Esse período é conhecido pela configuração dos continentes na forma do supercontinente de Pangea. Surgem também árvores de grande porte, como as coníferas. O período Triássico finalizou com a extinção de algumas linhagens de vertebrados, como os dicinodontes. Presume-se que essas extinções tenham resultado de fortes mudanças climáticas que submeteram os paleoambientes a climas peridesérticos.

O período Jurássico está compreendido entre 199 e 145 milhões de anos atrás. Foi caracterizado por uma fauna bastante variada. Os crustáceos e os amonitas são os fósseis que diagnosticam esse período, em termos de abundância e paleodiversidade. É um período importante para o estudo da evolução das aves, já que, na China, seus sedimentos ocultam importantes achados de dinossauros aviformes (com penas). Praticamente todos os grupos de peixes modernos já estavam presentes, bem como os anfíbios modernos (lissamphibia) e os pequenos mamíferos marsupiais. As formações jurássicas no Brasil são muito pouco preservadas, em virtude dos ambientes antigos de sedimentação terem sido desfavoráveis. A consequência disso é que, no Brasil, o registro fóssil dessa idade não é tão abundante. A paleoflora e os padrões climáticos bem estabelecidos marcavam registros de ginkgos, pinheiros e outras espécies de coníferas. Embora predominassem as gimnospermas, os estudos palinológicos já registravam pólenes de angiospermas. Um processo crescente de separação dos blocos continentais tratou de fragmentar o Pangea. Esse padrão tectônico durou aproximadamente 100 milhões de anos, estendendo-se por todo o período Jurássico e atingindo o período Cretáceo.

O período Cretáceo está compreendido entre 145,5 milhões e 65,5 milhões de anos atrás, aproximadamente. Para a botânica, esse período tem singular importância evolutiva, já que nele surgem as primeiras plantas com frutos – as angiospermas –, as quais deram origem a várias famílias que hoje representam muitas plantas modernas. O aparecimento e a diversificação das angiospermas estimularam o surgimento e a diversificação de muitos grupos atuais de insetos, como as formigas e as borboletas.

Os moluscos cefalópodes (que constituem o grupo dos atuais polvos e lulas), os moluscos bivalves (representados atualmente pelos mariscos e mexilhões), as esponjas marinhas e os equinóides (representados atualmente pelos ouriços-do-mar, bolachas e estrelas-do-mar) são abundantes nos sedimentos cretáceos. As formações cretáceas de corais eram homólogas às espécies atuais. Os moluscos gastrópodes (lesmas e caracóis) têm seus primeiros registros nesse período. Quanto aos registros de peixes, observa-se uma constante diversificação em direção ao fim desse período, fato esse corroborado pelo surgimento e derivação de muitos grupos de tubarões e peixes ósseos modernos. Os anfíbios são representados por meio de grupos de rãs e salamandras que se originaram de linhagens primitivas de anfíbios labirintodontes.

Os Testudinata (tartarugas, cágados e jabutis) eram muito semelhantes às formas atuais. No entanto, algumas formas marinhas eram gigantescas, como *Archelon*, com 3 m de diâmetro. Os Squamata (lagartos e serpentes modernos) surgem nesse período, e deles derivaram uma linhagem de lagartos aquáticos marinhos de grande porte, como os plesiossauros. As condições climáticas tropicais nos continentes possibilitaram o desenvolvimento de ecossistemas ideais para muitas famílias de crocodilídeos de água doce. Contrariamente, as formas marinhas de crocodilos entraram em forte declínio e desapareceram juntamente com linhagens de grandes lagartos marinhos. Os arcossauromorfos (dinossauros, pterossauros e aves)

encontravam-se em franca diversificação, de forma que, dessas linhagens, apenas as aves deixaram representantes atuais.

O fim do período Cretáceo foi marcado por uma das maiores e mais fantásticas extinções em massa. O assim denominado “evento ou intervalo K-T” foi diagnosticado por meio de uma teoria catastrófica. Evidências geológicas marcadas por níveis anormais de irídio apontam para a possibilidade da queda de um grande meteorito na região, onde hoje se encontra a Península de Yucatán, no México. Tal evento teria suspenso quantidades colossais de sedimentos (poeira) na atmosfera. Essa poeira teria coberto a Terra, evitando a passagem dos raios solares: fato que acarretaria um crescente resfriamento da superfície do planeta. Presume-se que isso teria sido capaz de levar nosso planeta a uma espécie de Era Glacial forçada. Logo, os organismos produtores foram impedidos de realizar seus processos fotossintéticos, entrando em um forte declínio, o que, conseqüentemente, causou a extinção de muitas linhagens. Logicamente, a inevitável quebra do equilíbrio das relações tróficas entre os produtores e consumidores, em face da insuficiente incidência solar, promoveu a extinção de, aproximadamente, metade de todas as linhagens animais (entre elas os dinossauros, os grandes lagartos marinhos, várias linhagens de pássaros arcaicos, os amonitas e a maioria dos cefalópodes belemnites, moluscos e muitos microrganismos). Em meio a todas essas adversidades ambientais de dimensões catastróficas, os mamíferos primitivos (marsupiais e monotremados), de alguma forma, sobreviveram e viabilizaram a diversificação e a manutenção de todas as linhagens atuais de mamíferos placentários.

A Era Cenozóica iniciou há cerca de 65,5 milhões de anos e se estende até a presente época (Holoceno). O nome “cenozóico” provém de duas palavras gregas que significavam “vida recente”. Essa era divide-se em dois períodos principais: o Terciário e o Quaternário. O mais antigo (o Terciário)

subdivide-se nos períodos Paleógeno (com início há 65 milhões de anos e término há 24 milhões de anos) e Neógeno (com início há 24 milhões de anos e término há 1,8 milhão de anos). Já o Quaternário subdivide-se nas épocas Pleistoceno (com início há 1,8 milhão de anos e término há 11 mil anos) e Holoceno ou recente, com data inferior a 11 mil anos. O período Paleógeno subdivide-se em três épocas: Paleoceno, Eoceno e Oligoceno. O período Neógeno subdivide-se em Mioceno e Plioceno. A Era Cenozóica foi marcada pelo aparecimento de 28 ordens de mamíferos, das quais 16 ainda fazem parte da atual classe Mammalia. Ao longo do Pleistoceno, registros importantes de consideráveis eventos glaciais, principalmente no Hemisfério Norte (evidências de atividades de glaciação de magnitudes menores também foram observadas no Hemisfério Sul), deram a esse período a denominação popular de “Era do Gelo”. Com relação à evolução humana, os registros mais antigos do gênero *Homo* datam de sedimentos do Pleistoceno (cerca de 450 mil anos). Além de fósseis humanos, esse período contempla achados importantíssimos de fabulosos mamíferos. Entre os achados mais comuns, figuravam os mastodontes e mamutes, ancestrais gigantes das preguiças (megatérios), tatus gigantes (gliptodontes), felinos como os tigres-dentes-de-sabre (*Smilodon*) e os toxodontes, grandes mamíferos notoungulados com hábitos semelhantes aos dos atuais hipopótamos. A ocupação de novos habitats marcou não só o predomínio, mas também a radiação adaptativa das angiospermas.

A teoria de Wegener: estariam os continentes à deriva?

Essa pergunta, aparentemente simples, tem um enorme significado na história do homem. As primeiras civilizações que obtiveram o domínio tecnológico das ciências cartográficas provavelmente tiveram a sensibilidade de perceber que, de certa forma, o contorno dos continentes era contíguo, ou seja, tinha tudo para se encaixar

perfeitamente, como se fosse um enorme quebra-cabeça mundial. Antônio Pellegrini, um pesquisador do século 19, em suas investigações, postulou empiricamente que os continentes teriam sido interligados em um passado geológico, separando-se a posteriori.

Notável foi o trabalho do cientista alemão Alfred Lothar Wegener, que, em 1912, retomou as hipóteses de Pellegrini, aprofundando-se nessa idéia ao basear seu modelo de deriva continental em fundamentos geofísicos e não somente no empirismo visual do contorno contíguo dos blocos continentais. Ao final dos anos de 1950, a teoria da tectônica global ganha corpo a partir de estudos feitos no assoalho rochoso do Oceano Pacífico. A descoberta de anomalias magnéticas, relacionadas a atividades de extrusão de lavas vulcânicas submarinas, trouxe subsídios fundamentais para corroborar a hipótese de que o assoalho oceânico expandia-se, em virtude de fenômenos de convecção ocorrentes nas camadas do manto. Os níveis mais inferiores do manto terrestre teriam uma temperatura bem mais elevada. Isso acarretaria um processo ascensional a partir da área de maior temperatura. Esse fluxo ascensional de lava ocorreria pela própria característica física que a torna menos densa. O material ascendente, ao atingir os níveis mais superiores (posicionados logo abaixo da crosta), logicamente se resfriaria e, ao tornar-se mais denso, assumiria um sentido descendente, como um ciclo clássico de correntes de convecção. O fluxo magmático descendente seria, em tese, reconsumido (ou reauecido), tornando novamente a ascender, retroalimentando o sistema de convecção. O somatório dessas forças colossais seria capaz de afastar placas oceânicas e continentais a partir da ação sob suas bases, ou fazer com que placas se chocassem. Fundamentalmente, esse processo, como um todo, afastaria ou aproximaria continentes inteiros, afetando lentamente padrões climáticos em escala continental. A influência desses fatores sobre a fauna e a flora seria de magnitudes globais, visto que, guardadas as devidas escalas de tempo geológico, seriam capazes de remodelar a geografia física de continentes inteiros.

Além das constatações geofísicas, ou mesmo das de caráter mais empírico, uma outra área do conhecimento humano somou-se na corroboração dos fenômenos envolvidos na tectônica de placas e deriva continental: a paleontologia ou o estudo dos fósseis. A partir dos estudos de geocronocorrelação entre formações geológicas que tinham continuidade intercontinental, foi possível observar que fósseis de animais e plantas eram encontrados em continentes afastados por distâncias oceânicas. São muitos os exemplos registrados pela paleontologia. Um dos mais clássicos envolve os mesossaurídeos, que eram répteis de pequeno porte que habitavam os mares epicontinentais ao longo do Permiano. Esses pequenos vertebrados ocorrem em duas importantes formações geológicas permianas mundiais: a Formação Irati, no Brasil, e a Formação Whitehill, na África do Sul. A ocorrência desses mesossaurídeos em continentes intercalados pelo Oceano Atlântico corrobora a hipótese de que, no passado geológico, África e América do Sul estavam muito próximas.

Literatura recomendada

CARVALHO, I. S. **Paleontologia**. Rio de Janeiro: Interciência, 2000. 628 p.

GOULD, S. J. **Seta do tempo, ciclo do tempo, mito e metáfora na descoberta do tempo geológico**. São Paulo: Companhia das Letras, 1991. 222 p.

HOLZ, M. **Do mar ao deserto: a evolução do Rio Grande do Sul no tempo geológico**. Porto Alegre: Ed. UFRGS, 1999. v. 1. 142 p.

HOLZ, M.; SIMÕES, M. G. **Elementos fundamentais de tafonomia**. Porto Alegre: Ed. UFRGS, 2002. 231 p.

LIMA, M. R. **Fósseis do Brasil**. São Paulo: EDUSP, 1989. 119 p.

LYELL, C.; SECORD, J. A. **Principles of geology**. London: Penguin Classics, 1842. 528 p. Sugestões para leitura

MENDES, J. C. **Paleontologia básica**. São Paulo: EDUSP, 1988. 347 p.

TEIXEIRA, W.; TOLEDO, M. C. M.; FAIRCHILD, T. R.; TAIOLI, F. (Ed.). **Decifrando a Terra**. São Paulo: USP – Oficina de Textos, 2003. 558 p.



Domesticação das plantas

A síndrome que deu certo

Foto: Eugenio Barbieri





Domesticação das plantas

Maria Jane Cruz de Melo Sereno
Paula Wiethölter
Tatiana de Freitas Terra

A domesticação das plantas tem um relacionamento direto de interação com o homem, pois é um processo que envolve mudanças mútuas entre os dois grupos. Essas mudanças determinaram uma dimensão diferente dentro da evolução dos vegetais, bem como despertaram a atenção de muitos autores ao longo dos anos, principalmente pela multidisciplinaridade do assunto (envolvendo antropologia, arqueologia, bioquímica, genética, geografia, lingüística, biologia molecular, fisiologia, sociologia e botânica sistemática). Além disso, pode ser considerada como um dos processos mais importantes relacionados com a história dos seres humanos no planeta, por ter permitido ao homem a possibilidade de selecionar e, posteriormente, cultivar espécies para o seu próprio consumo. Sendo assim, a domesticação das espécies foi decisiva na mudança do comportamento humano e, dessa forma, pode ser considerada um pré-requisito para o surgimento das civilizações.

Vários conceitos já foram descritos para o termo domesticação, tais como: “um processo mediado por adaptações morfológicas e auto-ecológicas na planta e por mudanças no comportamento humano” (RINDOS, 1984); “um processo evolutivo operando sob a influência de atividades humanas” (HARLAN, 1992); “um processo de seleção genética que, por alterar traços chaves, transforma formas silvestres em variedades domesticadas” (SALAMINI et al., 2002), entre tantos outros. Entretanto, de maneira geral, pode-se dizer que a domesticação das espécies é um processo de modificação do genótipo de maneira contínua, evolutiva, efetuado inconscientemente pelo homem (EVANS, 1993) e de forma relativamente rápida. Nos últimos anos, foram desenvolvidos modelos matemáticos baseados em estimativas empíricas de coeficientes de seleção, os quais indicam que a domesticação de uma espécie não necessariamente necessita de centenas ou milhares de anos, e sim que pode ocorrer em torno de 20 a 100 anos (HILLMAN; DAVIES, 1990).

Diversos trabalhos têm identificado QTLs (Quantitative Traits Loci) associados com o processo de domesticação. No geral, os resultados encontrados indicam que as grandes mudanças observadas entre uma espécie silvestre e uma espécie domesticada correspondente são decorrentes de mudanças em poucos genes, ou seja, a ocorrência de seleção em poucos genes é suficiente para promover grandes mudanças (WRIGHT et al., 2005; HANCOCK, 2005). A fixação dessas mudanças de maneira relativamente rápida poderia ser explicada pela localização próxima dos QTLs associados com os caracteres da domesticação. Isso porque a proximidade dessas associações de genes poderia reduzir a quantidade de segregação entre esses genes importantes na adaptação (HANCOCK, 2005).

Contudo, pode-se definir que a domesticação das plantas é um processo evolutivo, constituído de inúmeras mudanças genéticas e morfológicas, que podem ser percebidas a partir de modificações comportamentais humanas, as quais estão

diretamente relacionadas com o desenvolvimento da agricultura de subsistência (cultivo), efetuada, primariamente, pelo grupo dos caçadores-coletores.

Evans (1993) descreveu alguns conceitos relacionados ao cultivo, tais como: “o hábito de desenvolver plantas para próprio uso” (BRONSON, 1977 citado por EVANS, 1993); “o particular e persistente interesse por uma cultura”, implicando em maior envolvimento humano (HELBAEK, 1969 citado por EVANS, 1993). O autor conclui que a domesticação envolve aquelas modificações que conferem adaptação às condições da agricultura, distinguindo da adaptação a novos ambientes.

A domesticação tem o marco inicial na ação dos homens primitivos, os quais, inicialmente, eram considerados seres ignorantes e indolentes, mas que recentemente – em virtude de estudos arqueológicos – passaram a ser considerados como “profissionais primitivos”. Essa alteração na denominação dos ancestrais ocorreu por causa de uma série de considerações, tais como o grande número de ferramentas desenvolvidas, número de espécies coletadas (em torno de 2.500 espécies de plantas superiores), além do amplo conhecimento em relação ao ciclo de vida das plantas, como o florescimento, a frutificação e a colheita. A coleta das espécies, de maneira geral, não era realizada de qualquer maneira, e sim seguindo alguns critérios, tais como facilidade de coleta (sementes que apresentavam tamanhos maiores, mais grãos por espiga e inflorescência mais compacta) e de transporte (facilidade de debulha, considerando a disponibilidade para o estoque). Provavelmente, a coleta intensa de espécies, seguida por um manejo elementar, pode ter resultado na modificação de algumas populações, sugerindo, dessa forma, que a domesticação tenha precedido o cultivo. É importante destacar que os termos domesticação e cultivo não são sinônimos, já que a domesticação envolve mudança na resposta genética, transformando formas silvestres em domesticadas, enquanto o cultivo relaciona-se intimamente

com a atividade humana de plantio e colheita, tanto na forma silvestre quanto na domesticada (SALAMINI et al., 2002). Além disso, a domesticação nem sempre evoluiu em relações agrícolas (RINDOS, 1984).

Existem diversos fatores que tentam explicar o que levou os caçadores-coletores a mudar o seu estilo de vida e, definitivamente, dar início à domesticação das espécies. Entre eles, estão as mudanças climáticas ocorridas no final do período Pleistoceno, as quais forçaram não somente a concentração de homens e animais em oásis, como também a existência de sincronia durante as mudanças climáticas e culturais e a evolução gradual, irregular e independente em diferentes ambientes (EVANS, 1993).

Rindos (1984) classificou o processo de domesticação em, pelo menos, três formas: incidental, especializado e agrícola. A domesticação incidental é resultado da seleção inconsciente de algumas plantas sobre outras, por causa do consumo humano (sociedade não-agrícola). A interação coevolutiva com os humanos fez com que certos caracteres morfológicos de algumas plantas tivessem uma vantagem seletiva sobre os caracteres das outras plantas, por meio da pressão de seleção exercida com a atuação do homem. O resultado não é estabelecido por técnicas agrícolas especializadas, e as mudanças na morfologia são consideradas de baixo impacto. Além disso, a domesticação incidental é considerada como uma relação que preserva e promove uma relação conservativa e tradicional entre os humanos e o ambiente. Esse tipo de domesticação ocorre quando a agricultura fornece a forma primária de subsistência para uma sociedade.

A evolução das primeiras plantas domesticadas é determinada pela **domesticação especializada** e permite que diferentes tipos de interações de ambiente e pessoas sejam estabelecidos. Possivelmente, a fundamental novidade seja a mudança no comportamento do agente. O homem é o agente de dispersão das plantas, e as comunidades de plantas domesticadas eram estabelecidas em áreas onde as pessoas

viviam. Esse fator também é determinante para que haja um padrão de sucessão entre as espécies que possuem o uso intensificado. Essas espécies domesticadas estão, dessa forma, sob ação de forças seletivas de grande importância evolutiva e apresentam mudanças morfológicas mais marcantes. Nesse tipo de domesticação, os humanos tornam-se suficientemente dependentes de determinadas plantas para a sua sobrevivência, assim como a sobrevivência de algumas plantas torna-se dependente dos humanos, em algumas regiões. Intensificando o sucesso desse relacionamento coevolutivo, um relacionamento especializado entre humanos e suas plantas domesticadas incidentais é criado, de forma que se estabeleça um sistema agroecológico primário. Nesse tipo de domesticação, a proteção, a armazenagem e o plantio tornam-se variáveis comportamentais fundamentais.

A **domesticação agrícola** é a consequência imediata do comportamento humano e da evolução dentro do sistema agroecológico. A manipulação ambiental humana (fogo, irrigação e sistemas de lavoura) auxiliou o estabelecimento da agroecologia, a qual formou um complexo onde as plantas daninhas começaram a se desenvolver. As plantas daninhas, também denominadas inços, agem como oportunistas e parasitam a interação existente entre os humanos e as espécies domesticadas coevoluídas. É importante ressaltar que a domesticação agrícola relaciona-se com o estabelecimento e o refinamento dos sistemas de produção agrícola, mas não resulta no fim dos outros dois modos de domesticação. Além disso, assim como na domesticação incidental, a domesticação agrícola é um processo que ainda está em andamento e apresenta como tendência atual o aumento da produtividade.

Em uma análise resumida, é possível inferir que a domesticação incidental seja uma consequência direta da alimentação humana. A domesticação especializada ocorre quando as pessoas afetam o ambiente de maneira tal que, indiretamente, beneficiam as plantas domesticadas.

A seleção das características na planta, que permitem o desenvolvimento de um processo simbiótico entre humanos e plantas, confere o início do sistema agrícola de fato, estabelecendo a domesticação agrícola.

O processo de simbiose que se estabeleceu entre populações de plantas e animais, é facilitado pelo aparecimento de características adaptativas dentro da primeira população, bem como por modificações no comportamento da última. As plantas recebem pressão seletiva relacionada aos humanos e também ao ambiente. As mutações ocorridas nas plantas devem ser necessariamente “úteis” ao comportamento humano – modificado graças à competição – que acaba por excluir os tipos menos adaptados a esse relacionamento. Por fim, a domesticação afeta a planta em todas as fases do seu ciclo de vida (RINDOS, 1984).

No mundo todo, existem em torno de 200 mil espécies de plantas silvestres, das quais aproximadamente 100 produziram espécies domesticadas de grande importância econômica (DIAMOND, 2002). Segundo Evans (1993), a maioria das espécies domesticadas pertence a um pequeno número de famílias (2.489 espécies domesticadas pertencendo a somente 173 famílias). Além disso, a proporção de espécies domesticadas varia consideravelmente entre as famílias. Outro fator importante é que a grande parte das espécies está distribuída em oito famílias principais, que são: gramíneas (poáceas), leguminosas, rosáceas, solanáceas, asteráceas, mirtáceas, malváceas e cucurbitáceas. Dessa forma, com base nesses dados, surge uma pergunta: por que somente certas plantas foram domesticadas? As formas ancestrais das espécies cultivadas são denominadas “protótipos silvestres” e teriam sido domesticadas por se comportarem como espécies colonizadoras, ou seja, “inços ecológicos”, os quais são incapazes de competir num hábitat silvestre, porém adaptam-se bem em hábitats abertos, onde a competição é mínima. Entretanto, é importante ressaltar que o “protótipo silvestre” não pode ser o ancestral direto da espécie cultivada.

Considera-se que espécies silvestres e espécies cultivadas evoluíram em paralelo, que hibridizam com frequência, apresentando introgressão de genes, porém com fluxo gênico limitado. Além disso, podem ser encontradas facilmente no mesmo ambiente. Um exemplo claro pode ser observado com o milho (*Zea mays*) e o ancestral teosinto (*Zea mexicana*). A espécie ancestral é encontrada na vegetação silvestre no oeste central do México (centro de origem da espécie) e também como invasora nos campos de milho (HAWKES, 1983).

O homem primitivo, ao alterar o hábitat em que vivia, propiciou a invasão de plantas que se adaptavam a esses novos ambientes. Com isso, surgiram as plantas invasoras ou inços, que, com a provável domesticação, deram origem às plantas cultivadas. Nesse novo sistema, surgiram os inços relacionados às cultivadas, ou seja, ancestrais ou descendentes das cultivadas geneticamente relacionados, formando o complexo silvestre–inço–cultivada, antes inexistente. Esses inços podem ter dado origem à planta cultivada ou podem ser derivados da hibridização entre a planta silvestre e a cultivada. O fluxo gênico, nesse complexo, até hoje influencia na introgressão de caracteres dos inços para as plantas cultivadas. O fluxo inverso (cultivada–inço) faz com que o último fixe caracteres de interesse ecológico, mas mantenha a debilidade natural, que o permite sobreviver sem a interferência humana.

A síndrome da domesticação

A síndrome da domesticação pode ser definida como o resultado do processo de domesticação das plantas, o qual resulta na modificação das características originais. Essas mudanças têm sido determinadas como as diferenças existentes entre plantas silvestres e domesticadas, sem ignorar muitos exemplos de espécies cultivadas que possuem características similares aos seus ancestrais silvestres e, muitas vezes, a perda total da ligação entre as

duas populações. Darwin com sua teoria da “variação paralela análoga” e Vavilov com “as séries homólogas” reconheceram essas características comuns nos grupos domesticados de plantas e nas mudanças com a domesticação, apesar do último descrever a perda de ligação entre as plantas silvestres e as plantas cultivadas. Contudo, pode-se admitir que uma identificação das cultivadas modernas com seus ancestrais permanece plenamente possível, uma vez que o próprio Vavilov definiu que grande parte dessa perda encontrou um meio de retornar a seu relacionamento ancestral.

Amplamente listadas, as diferenças existentes nas plantas domesticadas em relação às silvestres são consideradas paralelas ao envolvimento humano com o seu cultivo. Isso deliberadamente é muito complexo, uma vez que a formação das sociedades envolve uma série de fatores, entre eles os padrões culturais. Entretanto, o cultivo de uma espécie em particular determina a domesticação como um importante processo evolutivo das plantas, ainda que este possa ter decorrido de seleção consciente ou inconsciente.

As principais características envolvidas com a síndrome da domesticação são descritas em Evans (1993) e estão resumidas a seguir:

1) Supressão do mecanismo de dispersão de sementes

A perda do mecanismo de dispersão natural das sementes dos cereais é determinada como a principal modificação entre as populações domesticadas e seus ancestrais silvestres. Mais surpreendente é o fato de o caráter ser controlado por um único ou por poucos genes – muitas vezes alelos recessivos. Um excelente exemplo é o caso do milho, que apresenta uma arquitetura de planta totalmente diferente do teosinto (provável ancestral), sob controle de apenas cinco locos distintos. No caso do arroz, a retenção das sementes tem sido encontrada sob controle de dois alelos recessivos.

Essa característica, adquirida após a domesticação, tornou as plantas cultivadas inteiramente dependentes do homem. Em algumas culturas, a perda desse mecanismo é irrelevante, permanecendo a forma original de dispersão das sementes. Algumas espécies de forrageiras cultivadas são bons exemplos, visto que a debulha natural é uma característica desejável para a manutenção das espécies sem a necessidade de nova semeadura.

2) Modificações de forma: alometria e condensação

Um exemplo clássico de mudança na forma por causa da domesticação é o grupo de hortaliças originado da couve silvestre (*Brassica oleracea*): brócolis, couve-flor e couve-de-bruxelas, entre outras. Dentro de uma única espécie, mudanças – nas folhas, raízes, inflorescências – originaram formas distintas por intermédio da seleção, entretanto existem pesquisadores que sugerem que diversas espécies silvestres tenham dado origem a diversas formas domesticadas.

A intensificação seletiva de alguns órgãos é geralmente resultado de uma modificação na alometria, com maior fracionamento de assimilados nos primeiros estádios de desenvolvimento daqueles órgãos. Um exemplo disso foi observado na beterraba, na qual o diâmetro do hipocótilo das plântulas funciona como um marcador eficiente para indicar o tamanho da raiz e sua produção.

O processo de condensação também foi referido, como o encurtamento de ramos e entrenós, levando órgãos muito dispersos a estruturas mais compactas. Exemplos extremos de condensação são observados na espiga do milho e na única inflorescência terminal nos girassóis. Em ambos, as formas silvestres possuíam pequenas inflorescências sobre muitos ramos. Dessa forma, o processo de condensação conduziu ao desenvolvimento de estruturas consideradas aberrantes no ambiente silvestre.

3) Germinação mais rápida e uniforme

Uma germinação mais demorada e a presença de sementes mais duras são características comuns e adaptativas das plantas silvestres, sendo indesejável para plantas cultivadas. Para Ladizinsky, citado por Evans (1993), a seleção para germinação mais rápida foi quase um pré-requisito para a domesticação de lentilhas, reduzindo a competição entre as plantas.

Por sua vez, a dormência pode ser um fator adaptativo na agricultura. Alguns cereais se desenvolvem sob condições de umidade e, nesse caso, certo grau de dormência entre as sementes é desejado, a fim de evitar perdas de grãos.

A germinação pode ser modificada por outros meios. Uma mudança vantajosa e essencial está no fato de as sementes de algumas espécies cultivadas não apresentarem necessidade de exposição à luz para sua germinação, diferentemente de seus ancestrais silvestres.

4) Sincronismo no florescimento e na maturação

A maturação, quando está condicionada a um longo período de tempo, pode ser uma vantagem para plantas silvestres, ao contrário das cultivadas, nas quais a uniformidade para maturação e florescimento, provavelmente, tenham sido intensificadas pela seleção humana indireta. Como exemplo, pode ser citada a sincronia de amadurecimento no arroz e de florescimento no trigo. A ausência de sincronismo em espécies do gênero *Coix* é um indicativo de domesticação parcial.

5) Mudanças bioquímicas (perda de substâncias amargas e tóxicas)

A proteção física de algumas espécies (por exemplo, em gramíneas) é um obstáculo que pode mais facilmente ser ultrapassado pelo homem, ao contrário da presença de compostos químicos, que reduzem drasticamente o potencial nutritivo de algumas culturas, bem como a utilização de suas sementes.

Inúmeras plantas silvestres apresentavam elementos tóxicos nos grãos, nos frutos e nas sementes, como proteção

contra a predação, tornando necessário algum tipo de tratamento especial e/ou cozimento para alimentação humana. Embora apresentassem essas desvantagens, muitas delas eram reconhecidas como candidatas perfeitas à domesticação. É correto afirmar que a toxicidade evoluiu como um sistema de proteção para órgãos com grande estocagem nutritiva e pode ter sido intensificada por seleção inconsciente em muitas culturas.

6) Gigantismo de órgãos

O gigantismo de órgãos foi provocado por seleção de estruturas maiores e por eventos de poliploidização de algumas espécies. Desempenhando um papel significativo junto às outras características concomitantes da domesticação, essa modificação em partes das plantas que recebem especial atenção na utilização humana pode ser determinada como um fator pré-adaptativo para o processo em si. O aumento no tamanho das sementes é um dos primeiros estágios de domesticação ocorrido em muitas leguminosas, assim como o aumento nos grãos dentro dos cereais ocorreu de maneira bem menos pronunciada. Vavilov (1945) identificou que o aumento no tamanho das sementes podia ser reflexo de adaptação ambiental, em vez de domesticação *per se*.

Diversas mudanças correlacionadas têm sido atribuídas a esse aumento nos órgãos principais das plantas em virtude da domesticação. Exemplos como o aumento no peso de grãos do trigo e o aumento da área foliar demonstram certo paralelismo. Muitas vezes, esse paralelismo é associado a distintos níveis de ploidia, entretanto existem evidências de que, no feijão, o tamanho celular e das sementes possa ser um evento estreitamente relacionado, sem denotar diferenças na ploidia.

Em muitos casos, como em cana-de-açúcar e no peso de sementes de ervilha, o tamanho das células e o número de células são importantes. Sendo assim, o diâmetro das células tem, presumivelmente, estado sob forte pressão de seleção, resultando em diferenças adaptativas entre as

variedades crioulas, com alta herdabilidade para o caráter, mas pouco associado a diferenças nos níveis de ploidia. Uma grande proporção das plantas domesticadas é poliplóide, como o trigo, a aveia, o algodão, o fumo, entre outras. O gigantismo ocasionado pela poliploidia certamente chamou a atenção do homem primitivo, que selecionou parte dessas plantas para a domesticação.

7) Ciclo de vida e sistemas de hibridação

O ciclo de vida de muitas espécies cultivadas tem sido reduzido de perene para anual durante a domesticação, embora muitos ancestrais silvestres tenham sido identificados como anuais. O gênero *Gossypium* é caracterizado por ser antigo e de arbustos perenes. As espécies cultivadas são do tipo anual e desenvolvidas sob domesticação. Isso permitiu que o algodão fosse cultivado além da zona temperada, onde anteriormente seu cultivo era restrito.

Uma generalização comum no processo de domesticação parece estar na troca da fecundação cruzada para autofecundação. Embora o milho, o centeio, o milheto, o sorgo, por exemplo, permaneçam com fecundação cruzada, parece haver uma relação positiva entre estabilidade na produção de frutos e sementes de plantas cultivadas, quando elas estão sob autofecundação (SMARTT, 1997). Esse sistema reprodutivo independe de outras plantas, ventos e insetos para sua sobrevivência. Esse caráter deve ter sido importante para as plantas e para o homem primitivo. Além disso, a retenção da fecundação cruzada desempenha um importante papel evolutivo em algumas espécies cultivadas, pois permite a elas a introgressão contínua com seus parentes silvestres.

Com a domesticação, é observada uma redução na esterilidade das flores, bem como um aumento da fertilidade e do conjunto de sementes, no caso dos grãos; entretanto, algumas espécies cultivadas com reprodução vegetativa têm levado a uma redução no florescimento e na esterilidade. Nesse caso, os programas de melhoramento

vêm atuando em hibridizações com espécies relacionadas para aumentar a variabilidade genética desse pool gênico.

As origens da agricultura

A história da agricultura é complexa porque não existem registros escritos sobre como e quando a agricultura começou. Tudo o que se sabe está baseado em evidências circunstanciais, em conclusões extraídas de registros arqueológicos. Segundo Hawkes (1983), a agricultura teve várias origens diferentes, mais ou menos no mesmo período, e nasceu, provavelmente, de uma necessidade dos povos de se fixarem em um local, deixando de ser nômades. O fato é que há milhares de anos, de maneira instintiva e, provavelmente, inconsciente, o homem primitivo passou a prestar mais atenção no que ocorria a sua volta e descobriu que não havia mais necessidade de mudar de ambiente para se alimentar, e que poderia passar a cultivar o alimento próximo a sua moradia, tornando-a, então, fixa. É interessante destacar que, por causa do compromisso com a caça e dos cuidados com o rebanho, é provável que boa parte da agricultura tenha sido desenvolvida pela mulher.

Existem algumas hipóteses que tentam explicar como a agricultura começou. Uma das hipóteses mais conhecidas e aceitáveis é a hipótese conhecida como “monte de lixo” (ENGELBRECHT, 1916 citado por HAWKES, 1983), a qual supõe que o homem primitivo, após chegar de sua coleta de alimento (sementes e raízes), descartava os restos ao redor de suas moradias, onde continuamente era depositado lixo. Esse lixo enriquecia o solo, permitindo que aquelas plantas, com características de inços, colonizassem, sem competição, as áreas próximas às moradias, as chamadas “cozinhas primitivas”. Esses locais, provavelmente, apresentavam estações bem definidas, favorecendo o desenvolvimento dos inços que ali eram depositados. Com isso, o homem teria percebido que não

havia mais a necessidade de buscar o alimento tão longe, quando poderia cultivá-lo próximo às suas habitações. Segundo o autor, não teria ocorrido um planejamento, ou seja, foram as circunstâncias que levaram por si só ao inevitável desenvolvimento. Essa mesma hipótese também foi descrita mais tarde por Sauer (1952). Entretanto, alguns fatos não podem ser explicados por essa teoria. Entre eles, destaca-se a seguinte questão: por que somente um número tão baixo de espécies foi domesticado, considerando-se milhares de espécies de inços que, provavelmente, colonizaram as regiões próximas às moradias?

Além dessa teoria, muitas outras já foram desenvolvidas, como as descritas por Harlan (1992), que atribui o desenvolvimento da agricultura a causas divinas e religiosas, ao estresse causado pela pressão exercida pelo aumento populacional em determinados locais, e ainda a uma teoria sem modelo algum. Esta última sugere que algumas plantas possam ter sido domesticadas segundo uma teoria, enquanto outras seguiram outro modelo, não havendo, portanto, a existência de um modelo universal.

Existem evidências indicando que as plantas terrestres evoluíram em torno de 700 milhões de anos atrás (HECKMAN et al., 2001), que o período de habitação do homem no planeta é de 6 milhões de anos (DIAMOND, 2002) e que a agricultura teria iniciado em torno de 5 mil a 10 mil anos atrás (DIAMOND, 2002; ERICKSON et al., 2005). Diante desses fatores, surge uma questão: por que a agricultura foi desenvolvida tão tarde considerando a nossa história evolutiva? Várias hipóteses buscam desvendar essa incógnita. Segundo Sauer (1952), para o estabelecimento da agricultura, havia necessidade de uma forma de existência estável, fixa em determinado local, de modo que o homem pudesse desenvolver uma relação com as plantas que passaria a cultivar. Outra hipótese sugere que o fator decisivo para o desenvolvimento da agricultura teria sido uma dramática mudança climática (FLANNERY, 1973 citado por HAWKES, 1983) que teria resultado na

fixação das comunidades em locais determinados, somados a mudanças na organização política e social. Entretanto, Hawkes (1983) apresenta citações discordando da ocorrência de mudanças ambientais de grande impacto para esse período. De fato, as verdadeiras causas que justificam o surgimento da agricultura em um período tão tardio na história cultural humana não estão ainda bem definidas, mas é provável que um dos fatores mais decisivos tenha sido a mudança na percepção e no comportamento humano.

A hipótese descrita por Engelbrecht (1916), citado por Hawkes (1983), apóia fortemente os chamados pré-requisitos para a origem da agricultura, que são:

- 1) Climáticos: necessidade de áreas com estações bem definidas.
- 2) Ecológicos: as espécies domesticadas eram inços, ou seja, espécies oportunistas e colonizadoras que facilmente se adaptaram ao ambiente próximo às moradias humanas, o qual foi alterado pelo homem (que fez do solo um ambiente altamente nutritivo e sem competição).
- 3) Taxonômicos: o número de famílias com espécies domesticadas é extremamente baixo, porém todas tinham características de inços.
- 4) Fisiológicas: as espécies domesticadas apresentam grandes quantidades de reserva (sementes, raízes e tubérculos), o que favorecia o homem primitivo, pois permitia a reserva de alimentos para a sobrevivência durante as longas estações de seca.

A agricultura pode ser dividida em duas fases distintas: a pré-agricultura e a agricultura de fato. A pré-agricultura pode ser dividida em três estágios (HAWKES, 1983), que são:

- 1) Colonização: caracterizado pela colonização de áreas abertas por plantas silvestres, com tendências a inços.
- 2) Colheita: caracterizado como um processo mais ordenado, baseado no conhecimento da planta. Nesse

estágio, os grãos são colhidos regularmente em locais determinados e, provavelmente, com seleção de mutantes, visando ao aumento da produção e palatabilidade. Nesses dois primeiros estágios, os povos ainda não estocavam sementes para o ano seguinte.

3) Plantio: ocorrência de retenção das sementes, observando-se o período adequado para o plantio e com cuidados especiais em todos os estágios, até a colheita.

A agricultura de fato surgiu muito tempo depois, quando o homem já possuía um amplo conhecimento de suas plantas. Somente nessa fase, a cultura pode ser considerada domesticada e a agricultura estabelecida definitivamente.

De acordo com alguns registros arqueológicos, o início da agricultura teria surgido em diferentes locais, de maneiras e com cultivos diferentes. A agricultura de espécies cultivadas por sementes teria surgido em zonas montanhosas de regiões temperadas do Velho Mundo e no cinturão norte do Novo Mundo. Já a agricultura de tubérculos e raízes (vegecultura) teria surgido em terras baixas tropicais, com um período seco bem definido. Acredita-se que a vegecultura tenha sido um processo fundamental no início da agricultura e, dessa forma, teria surgido primeiro. Porém, Hawkes (1983) relata alguns trabalhos indicando que é mais provável que sementes, raízes e tubérculos tenham sido cultivados pelo homem primitivo mais ou menos no mesmo período, porém em locais distintos.

Centros de origem das plantas cultivadas

Estabelecer os locais de origem é uma das principais dificuldades relacionadas com a domesticação das plantas. Hawkes (1983) apresenta o conceito de De Candolle, de 1882, para o qual o centro de origem seria o local onde as plantas crescem na natureza. O principal desafio é definir

o que realmente é a área de crescimento original (do silvestre) e o que pode vir a ser apenas um escape da espécie. Entretanto, a localização das espécies silvestres nem sempre é um bom critério de definição da origem das cultivadas. Um bom exemplo é o tomate, que apresenta várias espécies silvestres crescendo no Peru, porém existem evidências de que essa espécie, provavelmente, se originou no México. Em outros casos, ficou comprovado que as prováveis espécies ancestrais silvestres de uma cultivada não são sequer relacionadas a essa. Por exemplo, hoje se sabe que os candidatos a genitores das batatas cultivadas (indicados como provenientes do Chile, Uruguai e México) são espécies claramente distintas, até mesmo com números cromossômicos diferentes.

O botânico russo Nicolai Vavilov, em sua expedição entre 1920 e 1930, estudou a diversidade genética das plantas cultivadas ao redor do mundo, bem como de seus parentes silvestres. Em seus trabalhos, determinou que, durante a dispersão das espécies cultivadas a partir do seu local de origem, elas se dividiram em grupos morfológicos, ecológicos e geográficos. Além disso, também observou que, em certas áreas do mundo, havia maior diversidade de plantas cultivadas do que em outras, concluindo que os centros de diversidade genética correspondem aos centros de origem das cultivadas. Sua proposta inicial foi de cinco centros (HAWKES, 1983). Alguns anos depois, foram adicionados três centros e três subcentros ou centros secundários (1935 e 1951): 1) Centro chinês; 2) Centro indiano; 3) Centro asiático central; 4) Centro asiático menor; 5) Centro Mediterrâneo; 6) Centro Etiópia; 7) Centro América Central; 8a) Centro América do Sul (peruano–boliviano–equatoriano); 8b) Centro América do Sul (Chiloé); 8c) Centro América do Sul (brasileiro–paraguaio). Sendo assim, a partir desses estudos, Vavilov propôs a formação de oito centros de origem das

plantas cultivadas e utilizou a denominação de centros secundários para descrever alguns casos em que o centro de diversidade da cultura não correspondesse ao seu centro de origem. Entretanto, uma das mais sérias críticas à teoria de Vavilov foi feita por Harlan (1971), que sugere apenas três centros verdadeiros, os quais estão relativamente conectados um ao outro por áreas difusas que não são centros. O autor reconhece que algumas culturas são endêmicas de uma pequena área, outras são monocêntricas e outras, oligocêntricas. Sugere ainda que certas espécies cultivadas são não-cêntricas, ou seja, apresentam seus ancestrais dispersos.

Em 1926, Vavilov reconheceu que os centros de diversidade botânica nem sempre correspondem aos centros de origem das espécies. Entretanto, Zohary (1969), citado por Hawkes (1983), destacou que a maioria das publicações de Vavilov se refere aos centros de diversidade como sinônimos de centros de origem, salientando que generalizações são inadequadas, uma vez que cada entidade biológica acumula variações em diferentes taxas e em diferentes locais. As taxas de mutação podem ser mais ou menos constantes, mas as pressões de seleção diferem enormemente de local para local.

Para esclarecer as dúvidas relacionadas aos centros de origem da agricultura e às áreas de evolução e de diversidade, foram definidos alguns conceitos (HAWKES,1983):

- 1) Centros nucleares: locais onde a agricultura iniciou.
- 2) Regiões de diversidade: áreas nas quais as plantas domesticadas se espalharam a partir dos centros nucleares e onde outras culturas surgiram, tanto por seleção consciente quanto inconsciente. São equivalentes aos centros de Vavilov.
- 3) Centros secundários: locais onde poucas cultivadas tiveram origem, não mais que uma ou duas. Exemplos: Nova Guiné (cana-de-açúcar), Brasil (mandioca e abacaxi) e Estados Unidos (girassol).

O futuro da domesticação das plantas

Por muitos anos, as pesquisas relacionadas com as plantas domesticadas visaram, basicamente, melhorar as espécies que o homem primitivo domesticou. Poucos esforços foram destinados à domesticação de novas espécies. O homem moderno ainda está utilizando o “pacote” domesticado e selecionado pelos seus ancestrais primitivos. Entretanto, considerando as 200 mil espécies silvestres existentes (DIAMOND, 2002), certamente ainda existem inúmeras espécies silvestres com alto valor nutritivo para serem domesticadas e utilizadas na alimentação humana e animal.

Os mistérios envolvidos com a domesticação das espécies de maior impacto na agricultura ainda não foram completamente compreendidos; portanto, a domesticação de outras espécies ainda não pode ser concretizada. Sendo assim, uma das principais metas para o futuro é identificar as verdadeiras dificuldades encontradas durante a domesticação das espécies silvestres que produziram as espécies domesticadas mais importantes e utilizar a ciência moderna para vencer as dificuldades encontradas até hoje (DIAMOND, 2002).

Diversas metodologias já foram determinadas para estudos de domesticação de plantas cultivadas. Entre elas, destacam-se, como as mais importantes, os marcadores moleculares, análises de distância genética, filogenia, citologia e análises mendelianas (incluindo estudos de QTL), conforme descrito por Salamini et al. (2002).

De qualquer maneira, o fato é que o homem primitivo influenciou de forma significativa o relacionamento entre as espécies, o que propiciou o surgimento das populações de inços e de plantas cultivadas e, de certa forma, incrementou a variabilidade. O homem moderno recebeu esse “pacote” domesticado e diminuiu drasticamente a variabilidade genética com o uso de técnicas cada vez mais refinadas, visando aumentar a produtividade das espécies

cultivadas. Assim, cabe ao homem moderno, a responsabilidade de conservar os recursos genéticos modificados por seus ancestrais, com o objetivo de garantir a sobrevivência de sua espécie.

Referências

- DIAMOND, J. Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. **Nature**, New York, v. 418, n. 6.898, p. 700-707, 2002.
- ERICKSON, D. L.; SMITH, B. D.; CLARKE, A. C.; SANDWEISS, D. H.; TUROSS, N. An Asian origin for a 10,000-year-old domesticated plant in the Americas. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 102, n. 51, p. 18.315-18.320, 2005.
- EVANS, L. T. The domestication of crop plants. In: EVANS, L. T. **Crop evolution, adaptation and yield**. Cambridge: Cambridge University Press, 1993. p. 62-112.
- HANCOCK, J. F. Contributions of domesticated plant studies to our understanding of plant evolution. **Annals of Botany**, Oxford, v. 96, n. 6, p. 953-963, 2005.
- HARLAN, J. R. **Crops and man**. Madison: American Society of Agronomy, 1992. 284 p.
- HARLAN, J. R.; WET, J. M. J. de. Towards a rational classification of cultivated plants. **Taxon**, Utrecht, v. 20, p. 509-517, 1971.
- HAWKES, J. G. The origins of agriculture. In: HAWKES, J. G. **The diversity of crop plants**. Cambridge: Harvard University Press, 1983. p. 27-46.
- HECKMAN, D. S.; GEISER, D. M.; EIDELL, B. R.; STAUFFER, R. L.; KARDOS, N. L.; HEDGES, S. B. Molecular evidence for the early colonization of land by fungi and plants. **Science**, Washington, v. 293, n. 5.532, p. 1.129-1.133, 2001.
- HILLMAN, G. C.; DAVIES, M. S. Measured domestication rates in wild wheats and barley under primitive cultivation, and their archaeological implications. **Journal of World Prehistory**, New York, v. 4, n. 2, p. 157-222, 1990.
- RINDOS, D. The evolution of domestication. In: RINDOS, D. **The origins of agriculture: an evolutionary perspective**. San Diego: Academic Press, 1984. p. 138-189.
- SALAMINI, F.; ÖZKAN, H.; BRANDOLINI, A.; SCHÄFER-PREGL, R.; MARTIN, W. Genetics and geography of wild cereal domestication in the Near East. **Nature Reviews**, New York, v. 3, n. 6, p. 429-441, 2002.
- SAUER, C. O. **Agricultural origins and dispersals**. New York: American Geographical Society, 1952. 110 p.
- SMARTT, J. The domestication syndrome and the development of new crop plants. In: SMARTT, J.; HAQ, N. **Domestication, production and utilization of new crops**. Southampton: International Center for Underutilized Crops, 1997. p. 51-59.
- VAVILOV, N. I. The origin, variation, immunity and breeding of cultivated plants. **Chronica Botanica**, New York, v. 13, p. 1-366, 1945.
- WRIGHT, S. I.; BI, I. V.; SCHOEDER, S. G.; YAMASAKI, M.; DOEBLEY, J. F.; McMULLEN, M. D.; GAUT, B. S. The effects of artificial selection on the maize genome. **Science**, Washington, v. 308, n. 5.726, p. 1.310-1.314, 2005.



A bóboras e morangas

Das Américas para o mundo

Foto: Rosa Lía Barbieri



A bóboras e morangas

Maria Aldete Justiniano da Fonseca Ferreira

As espécies do gênero *Cucurbita*, da família Cucurbitaceae, são nativas das Américas e faziam parte da base alimentar da civilização Olmeca, posteriormente incorporada pelas civilizações asteca, inca e maia. Registros arqueológicos associam essas espécies ao homem há pelo menos 10 mil anos (HURD JUNIOR et al., 1971). Conforme Whitaker e Bemis (1976), no período pré-colombiano, os homens iniciaram um processo seletivo, com base em mutantes de polpa não amarga, dando origem às espécies domesticadas.

O gênero *Cucurbita* é formado por 24 espécies, cinco dessas cultivadas (*C. argyrosperma*, *C. ficifolia*, *C. maxima*, *C. moschata* e *C. pepo*) (LIRA-SAADE, 1995). Várias espécies cultivadas e silvestres representam parte fundamental de diversos aspectos da vida humana e são importantes na dieta do homem pela versatilidade culinária e pela riqueza em caroteno, ferro, cálcio, magnésio, potássio e vitaminas A, B e C. As fibras também contêm bioflavonóides – bloqueadores dos receptores de

hormônios estimulantes do câncer – e esteróis, que são transformados em vitamina D no organismo e estimulam a diferenciação celular. É ampla a diversidade genética existente nas Américas, onde as espécies de *Cucurbita* são encontradas nas mais variadas cores, texturas, formas, tamanhos e sabores. Tais fatos reforçam a importância dos recursos genéticos do gênero para a agricultura e a segurança alimentar.

No Brasil, espécies do gênero *Cucurbita*, especialmente *C. moschata* e *C. maxima*, faziam parte da alimentação dos povos indígenas antes do descobrimento e da colonização. O nome jerimum, de origem tupi *yurum-um*, que significa pescoço escuro, é mantido até os dias atuais nas variedades tradicionais denominadas de jerimum jandaia, jerimum caboclo e jerimum de leite. Portanto, tais espécies, com certeza, já fazem parte do patrimônio genético brasileiro por terem sido domesticadas há séculos e serem cultivadas até os dias de hoje em várias regiões. A diversidade dessas espécies no Brasil é representada pelas inúmeras variedades tradicionais cultivadas pelos indígenas, quilombolas e produtores da agricultura de base familiar. A seleção praticada durante todo esse tempo, em conjunto com o fato de haver trocas de sementes entre as pessoas, leva à ocorrência de diversos fatores genéticos, como a hibridização e a recombinação, que favorecem a ampliação da variabilidade genética.

Taxonomia

O gênero *Cucurbita* faz parte da divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, subclasse Dilleniidae, ordem Violales e família Cucurbitaceae. Esse gênero é de origem americana e inclui 15 espécies, definidas com base em evidências morfológicas, ecogeográficas, arqueológicas e estudos de hibridação e de genética molecular (Tabela 1) (LIRA-SAADE, 1995).

Tabela 1. Grupamentos taxonômicos do gênero *Cucurbita*.

Grupo	Espécie
Grupo <i>argyrosperma</i>	1. <i>C. argyrosperma</i> Huber ssp. <i>argyrosperma</i> ssp. <i>sororia</i> (L. H. Bailey) Merrick & Bates 2. <i>C. ficifolia</i> Huber
Grupo <i>maxima</i>	3. <i>C. maxima</i> Duch. ex Lam. ssp. <i>maxima</i> ssp. <i>andreana</i> (Naudin) Filov 4. <i>C. moschata</i> (Duch. ex Lam) Duch. ex Poir.
Grupo <i>pepo</i>	5. <i>C. pepo</i> L. ssp. <i>pepo</i> ssp. <i>fraterna</i> ssp. <i>texana</i> (Scheele) Filov 6. <i>C. ecuadorensis</i> Cutler & Whitaker
Grupo <i>okeechobeensis</i>	7. <i>C. okeechobeensis</i> (J. K. Small) ssp. <i>okeechobeensis</i> ssp. <i>martinezii</i> (L. H. Bailey) Walters & Decker-Walters 8. <i>C. lundelliana</i> L. H. Bailey
Grupo <i>digitata</i>	9. <i>C. digitata</i> A. Gray 10. <i>C. cordata</i> S. Watson 11. <i>C. palmata</i> S. Watson
Grupo <i>foetidissima</i>	12. <i>C. foetidissima</i> Kunth 13. <i>C. pedatifolia</i> L. H. Bailey 14. <i>C. scabridifolia</i> L. H. Bailey 15. <i>C. radicans</i> Naudin

Fonte: Lira-Saade (1995).

Todas as espécies do gênero *Cucurbita* são diplóides, com 20 pares de cromossomos ($2n=40$), apesar de haver evidências de que o gênero é um antigo tetraplóide (WEEDEN; ROBINSON, 1990 citados por LIRA-SAADE, 1995). As espécies são caracterizadas como monóicas; entretanto, Kohn e Biardi (1995) verificaram que duas populações de *C. foetidissima* apresentaram um sistema misto de reprodução com taxa de autofecundação natural variando de 41 % a 73 %, respectivamente, em plantas ginóicas e monóicas.

As plantas são rasteiras, trepadeiras ou subarborescentes, e as flores são grandes, solitárias e opostas às gavinhas, gamopétalas, com corola tubular-campanulada e com

coloração variando de amarelo-clara a amarelo-laranja. Os estames das flores masculinas são estruturados como suma coluna, e as anteras formam uma estrutura cilíndrica ou piramidal. As flores femininas apresentam um ovário ínfero, com numerosos óvulos em posição horizontal, e os estigmas são grandes, carnosos e lobulados. As flores abrem pela manhã e são viáveis para a polinização até à tarde, porém essa é mais efetiva até as nove horas da manhã. A polinização é realizada pelas abelhas do gênero *Peponapis* e *Xenoglossa*. Os frutos das espécies cultivadas são mais diversificados que os das espécies silvestres, pois variam amplamente em termos de formatos, tamanhos, cores e tipos de superfície (LIRA-SAADE, 1995).

Origem e domesticação

Espécies silvestres

As espécies silvestres do gênero *Cucurbita* ocorrem no continente americano, dos Estados Unidos até a Argentina, porém a maioria se concentra no México e apenas duas espécies na América do Sul (*C. ecuadorensis* e *C. maxima* ssp. *andreana*). Essas espécies apresentam uma distribuição restrita, com exceção de *C. foetidissima* e *C. argyrosperma* ssp. *sororia*, que ocorrem dos Estados Unidos até o México e do México até a América Central. As espécies são anuais ou perenes, e, entre essas, as de ciclo curto apresentam raízes fibrosas não tuberosas e habitam regiões não áridas. As espécies perenes sobrevivem em áreas com aridez que varia de alta a extrema, graças às raízes grossas e tuberosas de reserva que possuem. No geral, as espécies formam populações com poucos indivíduos isolados entre si, porém algumas espécies perenes, como *C. foetidissima* e as do grupo *digitata*, podem formar populações muito grandes. Geralmente, ocupam ambientes secundários (estradas, terrenos baldios, casas abandonadas, campos de cultivo ativos ou abandonados), contudo algumas são

encontradas em regiões com vegetação primária. Algumas espécies estão restritas a regiões de alta altitude (*C. radicans* e *C. pedatifolia*) ou de baixa altitude (*C. pepo* ssp. *fraterna*, *C. lundelliana* e *C. ecuadorensis*). No entanto, outras crescem em intervalos mais amplos de altitude, como *C. argyrosperma* ssp. *sororia* e *C. okeechobeensis* ssp. *martinezii* (LIRA-SAADE, 1995).

Espécies cultivadas

Cucurbita argyrosperma

Acredita-se que sua domesticação ocorreu na região centro-sul do México há mais de 7 mil anos, já que registros arqueológicos foram encontrados nessa região, porém há registros também nos Estados Unidos. Restos morfológicos de *C. argyrosperma* var. *argyrosperma* foram detectados em Tamaulipas; de *C. argyrosperma* var. *sternosperma*, no Vale de Tehuacán e de *C. argyrosperma* var. *callicarpa*, no sudoeste dos Estados Unidos e noroeste do México.

Merrick e Bates (1989), citados por Lira-Saade (1995), consideraram o grupamento taxonômico formado por duas subespécies: *argyrosperma* e *sororia*. Dentro da subespécie *argyrosperma*, encontram-se três variedades cultivadas (*argyrosperma*, *callicarpa* e *sternosperma*) e uma não cultivada (*palmieri*), que é uma população espontânea do noroeste do México. A subespécie *sororia* é reconhecida como ancestral silvestre do grupo, por causa de sua compatibilidade reprodutiva e similaridade morfológica com o restante do grupo e distribuição geográfica (México até América Central). Estudos de hibridação e dados de campo revelaram que cruzamentos entre essas espécies e variedades são férteis e, portanto, fazem parte da mesma espécie biológica.

Baseado nessas informações, Merrick (1990), citado por Lira-Saade (1995), propôs duas hipóteses para explicar a origem e evolução de *C. argyrosperma*. A primeira sugere

que as variedades cultivadas foram domesticadas independentemente, a partir de populações da subespécie *sororia*. A segunda hipótese sustenta que as variedades cultivadas foram originadas da variedade *argyrosperma*, em virtude da variação morfológica de frutos e sementes observada entre variedades cultivadas, que coexistem em uma mesma área. Atualmente, é aceita, portanto, a existência das duas subespécies. Os tipos cultivados estão dentro da subespécie *argyrosperma*, e as formas silvestres ou espontâneas, dentro da subespécie *sororia*.

A área de distribuição nativa da subespécie *argyrosperma* compreende desde o sudoeste dos Estados Unidos até a América Central. Sua área cultivada está situada em um intervalo de altitude amplo (desde o nível do mar até 1.800 m a 1.900 m), em regiões de clima quente e seco, com uma estação de chuvas bem definida, não tolerando baixas temperaturas. Já a subespécie *sororia* ocorre desde o México até a América Central, em condições climáticas semelhantes às da subespécie cultivada. A simples comparação da distribuição geográfica das duas subespécies sugere que, durante um longo período de tempo, as duas coexistiram, o que possibilitou a ocorrência de cruzamentos entre elas (LIRA-SAADE, 1995).

Cucurbita ficifolia

O conhecimento preciso do centro de origem e domesticação dessa espécie ainda é um enigma. Alguns autores têm proposto que *C. ficifolia* é originada da América Central ou do sul do México, porém outros sugerem que sua origem foi a América do Sul, mais especificamente os Andes (NEE, 1990). Na América, a ampla difusão de nomes de origem ou influência Nahuatl (língua asteca), como *chilacayote* e derivados, sugere uma origem mexicana para essa espécie. No entanto, a incompatibilidade reprodutiva entre *C. ficifolia* e espécies silvestres de *Cucurbita* nativas do México não ratifica essa

hipótese. Foram verificados alguns híbridos parcialmente férteis com *C. lundelliana* (ocorre em áreas completamente diferentes, ou seja, zonas baixas do sul do México a Nicarágua), *C. foetidissima* (espécie perene que ocorre desde os Estados Unidos até o centro do México) e *C. pedatifolia* (endêmica de uma área relativamente pequena do México). Já as evidências arqueológicas indicam uma origem sul-americana, visto que registros mais antigos têm sido encontrados no Peru. Contudo, as duas espécies silvestres sul-americanas (*C. maxima* ssp. *andreana* e *C. ecuadorensis*) crescem em áreas diferentes de *C. ficifolia*. Além disso, a abelha *Peponapis atrata*, considerada como polinizadora de *C. ficifolia*, não foi encontrada na América do Sul. Existem grandes diferenças entre *C. ficifolia* e as outras espécies do gênero *Cucurbita*, especialmente no que se refere a cromossomos, isoenzimas e DNA de cloroplastos. Por conta dessas evidências, acredita-se que *C. ficifolia* possa ter como parente silvestre uma espécie não descrita ou extinta, que possivelmente ocorre ou ocorreu na região oriental dos Andes. *C. ficifolia* é amplamente cultivada em altitudes que variam de médias a altas (desde 1.000 m até 3.000 m), em praticamente todas as cordilheiras ou cadeias montanhosas da América Latina. Essa restrição de cultivo, em altas altitudes, a distingue das outras espécies cultivadas do gênero, as quais podem ser cultivadas em intervalos mais amplos de condições ambientais. Outra característica biológica exclusiva de *C. ficifolia* é ser a única espécie perene cultivada. No entanto, se trata de uma espécie anual que, dependendo de certas condições ambientais, é capaz de sobreviver por um período de tempo maior que o correspondente ao de uma espécie anual (ANDREAS, citado por LIRA-SAADE, 1995).

Cucurbita maxima

Todos os tipos de evidências indicam que essa espécie foi domesticada na América do Sul. As crônicas históricas, por exemplo, relatam que, durante a época da conquista do Rio da Prata, essa espécie foi um dos principais cultivos

dos guaranis do nordeste da Argentina e do Paraguai. Desde essa época, existem muitas variedades cultivadas nos vales andinos. As evidências arqueológicas são contundentes a esse respeito, pois registros dessa espécie têm sido encontrados desde o Peru até o norte da Argentina. As espécies silvestres que têm mostrado maior afinidade genética e/ou que são mais similares são *C. maxima* ssp. *andreana*, endêmica da Argentina e do Uruguai, e *C. ecuadorensis*, restrita ao Equador. A primeira delas parece ser o ancestral silvestre mais provável e tem sido proposta como tal, sendo considerada como uma subespécie. De acordo com registros de herbários, dentro de sua área de origem, existem variantes ou raças locais de *C. maxima* que são cultivadas dentro de um amplo intervalo de altitude, que compreende desde 100 m (alguns locais do Brasil) até cerca de 3.000 m (na Bolívia) (LIRA-SAADE, 1995).

Cucurbita moschata

Essa espécie foi domesticada na América Latina, porém não se tem conhecimento do local específico. Registros arqueológicos indicam que é cultivada há mais de 5.000–6.000 anos em toda a América Latina. É um cultivo que se maneja principalmente em zonas de baixa altitude e de clima quente com alta umidade. No entanto, coletas foram realizadas no Estado de Oaxaca, México, em regiões com altitude superior a 2.200 m.

Tem sido indicado que seu centro de origem é na Colômbia, mas registros arqueológicos mais antigos dessa espécie (4900–3500 a.C.) foram recuperados no noroeste do México e em alguns sítios das Américas do Sul e Central.

Considerando a compatibilidade de *C. moschata* com as espécies silvestres do gênero, a espécie *C. lundelliana*, que ocorre nas zonas baixas do sul do México e da Nicarágua, é considerada como a mais relacionada geneticamente. Assim, têm sido propostas duas hipóteses sobre a origem

de *C. moschata*. A primeira sugere que se originou de populações de *C. lundelliana* por isolamento e por processos posteriores de seleção humana. A segunda hipótese propõe que ambas as espécies são originadas de uma espécie ancestral comum; no entanto, em virtude de pressões de seleção humana, *C. moschata* se separou rapidamente dessa espécie ancestral e de *C. lundelliana*. Existem argumentos relevantes contra essas hipóteses, como a capacidade que *C. moschata* tem de produzir híbridos altamente férteis com *C. argyrosperma* e a existência de diferenças morfológicas entre *C. moschata* e *C. lundelliana* (as sementes de cor azul-grisáceo-verdoso da última não são encontradas na primeira). Tais evidências, aliadas àquelas derivadas de estudos de biologia molecular, têm contribuído para que se descarte a hipótese de que *C. lundelliana* seja a espécie ancestral de *C. moschata* (WILSON et al., 1992).

As evidências lingüísticas e de distribuição da variação não são muito claras. A espécie é conhecida por nomes nativos tanto da região meso-americana (principalmente no México) quanto da América do Sul. Isso sugere que essas regiões são centros de diversidade da espécie. A distribuição da variabilidade genética de *C. moschata* também não permite definir uma região em particular como centro de origem, pois tem sido detectada grande variabilidade de frutos e sementes em todas as regiões da América (LIRA-SAADE, 1995).

Cucurbita pepo

A antigüidade dos registros arqueológicos, bem como outras evidências, indica que essa espécie era cultivada nos Estados Unidos e no Canadá muito antes da chegada dos espanhóis. Atualmente, nesses países, são cultivadas variedades comerciais, e o cultivo de variedades tradicionais se restringe ao México e ao norte da América Central. Essa espécie pode crescer em condições ecológicas amplas. No México, existem variedades nativas que crescem ao nível do mar, em climas secos e solos ricos em calcário

(chamado *tsol* na Península de Yucatán), assim como outras que são manejadas em altitudes superiores a 2.000 m, condições climáticas mais frias e solos erodidos (Estado de Oaxaca) (LIRA-SAADE, 1995).

Investigações sistemáticas, etnobotânicas e morfométricas, em conjunto com dados arqueológicos, têm contribuído para o avanço do conhecimento sobre a origem e a domesticação dessa espécie. Os registros mais antigos foram encontrados no México, no Vale de Oaxaca (8750 a.C. a 700 d.C.) e em Ocampo, Tamaulipas (7000–5000 a.C.), sendo muito antiga também sua presença nos Estados Unidos (LIRA-SAADE, 1995).

Com base em evidências morfométricas e moleculares e em hibridização artificial e natural, tem sido verificado que *C. fraterna* é a espécie silvestre mais próxima. A espécie *C. fraterna*, conhecida somente em alguns locais dos estados de Tamaulipas e de Nuevo León, no noroeste do México, está mais relacionada às formas cultivadas mexicanas de *C. pepo* e *C. texana* (endêmica do sudoeste dos Estados Unidos) e possui maior afinidade com os tipos cultivados da América do Norte. Tais informações contribuíram para um melhor entendimento da variação e relação de *C. pepo*, que tem conduzido a sua reclassificação em categorias intra-específicas. Decker-Walters et al. (1990), citados por Lira-Saade (1995), consideraram que *C. pepo* ssp. *pepo* é formada por duas variedades: var. *pepo*, que inclui todas as cultivares comestíveis, e var. *fraterna*, correspondente ao ancestral silvestre. Andres (1987), por sua vez, classificou *C. pepo* ssp. *ovifera* em duas variedades: var. *ovifera*, que envolve as variedades do tipo ornamental, e var. *texana*, que inclui o ancestral silvestre. Lira-Saade (1995) sugere que *C. pepo* está constituída por três subespécies: ssp. *pepo*, que inclui todos os tipos cultivados comestíveis e ornamentais; ssp. *texana* e *fraterna*, que correspondem aos ancestrais silvestres do grupo.

Relações filogenéticas

Estudos de hibridização artificial e de biologia molecular têm contribuído para o avanço do conhecimento das relações entre as espécies cultivadas e entre essas e as espécies silvestres de *Cucurbita* (WILSON et al., 1992; JOBST et al., 1998).

Hoje, é evidente a existência de importantes barreiras genéticas entre as espécies. Na maioria dos casos, os frutos híbridos não contêm sementes, ou as sementes têm embriões anormais ou parcialmente desenvolvidos. Quando as sementes híbridas se desenvolvem bem – nas gerações F_1 , F_2 e nas derivadas de retrocruzamentos –, ocorrem decréscimos na fertilidade, esterilidade em algum sexo ou uma série de deformações em suas partes vegetativas ou reprodutivas. Foi detectado que *C. moschata* e *C. argyrosperma* são as espécies mais aparentadas e, possivelmente, compartilharam de ancestral comum com *C. pepo*, diferentemente de *C. maxima* e *C. ficifolia*. Esta última é a que tem menos relação genética com as outras espécies cultivadas e silvestres do gênero.

Além disso, foi verificado que as espécies perenes constituem dois grupos pouco relacionados entre si. Um desses grupos é formado por *C. foetidissima*, *C. pedatifolia*, *C. radicans* e *C. scabridifolia* e o outro, por *C. digitata*, *C. palmata* e *C. cordata*. Dentro das espécies anuais, as relações que têm sido definidas com maior precisão são as que existem entre *C. lundelliana* e *C. okeechobeensis* e entre *C. ecuadorensis* e a espécie ancestral silvestre de *C. maxima* (*C. maxima* ssp. *andreana*).

A relação entre as espécies cultivadas e as silvestres parece estar relativamente bem definida, sendo clara para três espécies domesticadas (*C. argyrosperma* ssp. *argyrosperma* com a ssp. *sororia*; *C. maxima* ssp. *maxima* com a ssp. *andreana*; e *C. pepo* ssp. *pepo* com a ssp. *fraterna* e a ssp. *texana*), assim também parece definido que nenhuma espécie silvestre perene está relacionada com as espécies

cultivadas. As espécies *C. lundelliana*, *C. okeechobeensis* e *C. ecuadoriensis* são as que melhor hibridizam com as espécies cultivadas e/ou com algumas espécies ancestrais destas últimas.

Com base nessas informações, Lira-Saade (1995) propôs a seguinte estrutura para os acervos genéticos (*genepools*) das espécies cultivadas:

C. argyrosperma: no acervo primário dessa espécie, incluem-se a subespécie *sororia* e as raças locais da subespécie cultivada, presentes no sudoeste dos Estados Unidos, no México e na América Central. O acervo secundário é constituído por *C. moschata*, ao passo que, no terciário (nível mais pobre de compatibilidade), estão *C. pepo*, *C. maxima* e *C. foetidissima*. As demais espécies do gênero não têm compatibilidade com o grupo *argyrosperma*.

C. ficifolia: a delimitação de seus acervos genéticos é difícil, por conta da baixa ou nula compatibilidade dessa espécie com as demais do gênero. É possível definir que o acervo primário é formado por suas raças locais ou variedades regionais, cultivadas na América Latina. Os acervos secundários e terciários são formados, respectivamente, por duas espécies perenes, proximamente aparentadas (*C. foetidissima* e *C. pedatifolia*), e as anuais *C. maxima* e *C. lundelliana*. Essas são as únicas espécies, com que se têm conseguido resultados relativamente positivos em experimentos de hibridização com *C. ficifolia*.

C. moschata: o acervo primário é composto pela grande diversidade de raças locais, ao passo que o secundário é formado por *C. argyrosperma*. O acervo terciário é constituído por *C. lundelliana* e, possivelmente, alguns táxons dos grupos *pepo* e *maxima*.

C. pepo: o acervo primário é formado por raças ou variedades locais e comerciais que se cultivam no México e na América Central, assim como por seus ancestrais

silvestres (as subespécies *fraterna* e *texana*). O acervo secundário é formado por duas espécies cultivadas (*C. argyrosperma* e *C. moschata*), por duas silvestres (*C. okeechobeensis* ssp. *martinezii*) e, provavelmente, por *C. ecuadorensis*. No terciário, estão *C. lundelliana*, *C. maxima* e, possivelmente, *C. ficifolia*.

Usos

As espécies silvestres de *Cucurbita* têm sido usadas pelo homem para diversos fins, como a alimentação de animais no México (*C. argyrosperma* ssp. *sororia*) e no Equador (*C. ecuadorensis*). Na alimentação humana, são usadas as sementes tostadas ou assadas e os frutos imaturos de algumas espécies. Os frutos imaturos são consumidos como verdura, sendo usados aqueles que não possuem sabor amargo (característico de altas concentrações de cucurbitacina). Na Argentina e no Uruguai, no passado, tribos nômades (charruas, puelches e tehuelches) e, mais recentemente, os grupos chamados gaúchos estão acostumados a consumir frutos de *C. maxima* ssp. *andreaana* crus ou assados na brasa. No México, os frutos de *C. argyrosperma* ssp. *sororia* são usados na medicina popular para curar feridas da pele, e as sementes, para enfermidades renais. As folhas, as sementes, os frutos e as raízes de *C. foetidissima* são usadas nos Estados Unidos e no México para curar gonorréia, dores de cabeça, erupções da pele e problemas estomacais. Os frutos e as raízes de espécies perenes (*C. foetidissima* e *C. pedatifolia*) e de anuais ou perenes de ciclo curto (*C. argyrosperma* ssp. *sororia*, *C. lundelliana* e *C. Okeechobeensis* ssp. *martinezii*) têm sido usadas como substitutos do sabão. Antigamente, as cascas dos frutos secos eram usadas como recipientes ou para confeccionar adornos, assim como era costume as crianças usarem os frutos como bolas. No entanto, em algumas regiões, as espécies silvestres são consideradas malélicas ou venenosas, em decorrência dos seus frutos apresentarem altas concentrações de cucurbitacina (LIRA-SAADE, 1995).

Em relação ao uso das espécies cultivadas, tanto os frutos quanto as sementes são comumente utilizados na alimentação humana em todo o mundo. As flores masculinas e as partes tenras dos talos são também usadas na alimentação humana. Na península de Yucatán, são consumidas as flores de *C. argyrosperma* e *C. pepo*, em vez de *C. moschata*, porque o sabor das flores desta última é desagradável e de difícil digestão. As espécies mais utilizadas para o preparo de doces são *C. maxima* e *C. moschata* e, em menor escala, *C. pepo* e *C. ficifolia*, das quais a última é usada para o preparo de um doce muito conhecido no México, denominado “cabelos de anjo”. No México e na América Central, as sementes de algumas variedades locais de *C. argyrosperma*, *C. pepo* e *C. moschata* são as favoritas para ser consumidas tostadas e salgadas, por causa do tamanho e da quantidade de sementes que produzem. As sementes moídas também são usadas no preparo de diversos pratos, especialmente no México e na América Central (LIRA-SAADE, 1995).

As sementes das espécies cultivadas possuem alto teor de óleo (mais de 39 %), proteínas (mais de 44 %) e fósforo (mais de 1 %). Os talos, as flores e os frutos são ricos em cálcio e fósforo e as flores e os frutos são também ricos em tiamina, riboflavina, niacina e ácido ascórbico. Foram identificados 19 tipos de carotenóides na polpa do fruto de *C. moschata*, dos quais o betacaroteno, precursor da vitamina A, foi o pigmento predominante (74 %) (ARIMA; RODRIGUES-AMAYA, 1990). Moura (2003) detectou uma grande variação no teor de carotenóides totais, o que pode ser comprovado no híbrido comercial Bárbara, que apresentou 18 µg/g de massa de polpa, ao passo que, em algumas variedades locais coletadas na agricultura tradicional brasileira, esse valor chegou a mais de 230 µg/g. Porém, os frutos de *C. ficifolia* que apresentam polpa de cor branca são deficientes em betacaroteno. As fibras também contêm bioflavonóides, que bloqueiam os receptores de hormônios estimulantes do câncer, e esteróis, que são transformados em vitamina D no organismo e

estimulam a diferenciação celular. O uso medicinal das espécies cultivadas também é muito explorado pelas pequenas comunidades, sendo usadas para uma série de enfermidades, como diurético (Brasil e Jamaica), vermífugo (Brasil, China, Colômbia e México) e tônico estomacal (China e Venezuela), entre outros. As espécies cultivadas são também usadas para diversos fins industriais e comerciais, como na elaboração de um sabão destinado à limpeza de pele no México. Plantas de *C. ficifolia*, *C. moschata* e *C. maxima*, ou híbridos entre elas, têm sido usados como porta-enxertos na produção de inverno de melancia e de pepino (LIRA-SAADE, 1995). Também é difundido o uso ornamental de frutos em alguns países. No Chile, alguns estudos têm demonstrado que enzimas proteolíticas extraídas da polpa de frutos de *C. ficifolia* são eficazes no tratamento de águas residuais resultantes de processos industriais (SCHAFFELD et al., 1989 citados por LIRA-SAADE, 1995).

Variabilidade genética

O gênero *Cucurbita* apresenta uma ampla diversidade genética, pois as espécies cultivadas, por exemplo, contêm uma grande variabilidade no que diz respeito à adaptação a condições ambientais contrastantes, ciclos fenológicos, hábitos de crescimento, caracteres morfológicos, características nutricionais e grau de resistência a doenças. As espécies silvestres constituem importantes fontes de genes para o melhoramento genético e algumas delas têm grande potencial para a produção de novos produtos.

A espécie *C. argyrosperma* apresenta uma diversidade menor quando comparada com *C. pepo*, *C. maxima* e *C. moschata*, sendo limitada às raças ou variedades locais empregadas como alimento e cultivadas no sudoeste dos Estados Unidos, no México e na América Central. As variações mais importantes observadas correspondem às dimensões, formas e padrões de coloração dos frutos e das sementes. *C. ficifolia* possui a menor diversidade genética

entre todas as espécies cultivadas do gênero, apresentando variações nos padrões de coloração e dimensão dos frutos (brancos a verdes com diferentes padrões de manchas) e sementes (pardo-claras a pardo-escuras ou negras). No entanto, do ponto de vista agrônomo, essa espécie se destaca pelo fato de alguns materiais apresentarem resistência a viroses de importância para outras espécies cultivadas do gênero. Além disso, as variedades tradicionais de *C. ficifolia* têm sido pouco estudadas, sendo necessário que uma caracterização mais aprofundada e sistemática seja realizada, a fim de que se tenha um conhecimento sobre a variabilidade genética da espécie (LIRA-SAADE, 1995).

Uma das espécies mais diversas do gênero é *C. maxima*, pois há uma ampla variação representada pelas numerosas raças ou variedades locais e pelos abundantes cultivos para consumo humano e uso ornamental. Apresentam hábitos rasteiros e subarborescentes, variações nas dimensões, formas e colorações de frutos e sementes, e muitas delas têm demonstrado possuir diferentes níveis de resistência a vários vírus. A variabilidade genética de *C. pepo* é muito maior do que a de *C. maxima*, já que existem variedades locais de uso comestível e ornamental e de hábito de crescimento subarborescente e rasteiro-trepador. Essa espécie, provavelmente, foi a que mais cedo e mais amplamente se difundiu para fora do continente americano. Isso é demonstrado nas pinturas de seus frutos realizadas por artistas europeus dos séculos 16 a 17 (LIRA-SAADE, 1995).

A variabilidade genética de *C. moschata* é também muito grande, principalmente em termos de frutos (cores, formas, durabilidade da casca, etc.), sementes, ciclo de vida e existência de variedades locais, com características agrônomicas promissoras. As variedades locais existentes na Península de Yucatán representam importantes fontes de variabilidade genética para a América Latina, assim como as variedades locais cultivadas em alguns estados mexicanos (Guanajuato e Chiapas), nas quais foram

detectadas fontes de resistência a vírus. A plasticidade das diferentes variedades ou raças de *C. moschata* contribuiu para a sua difusão para outros países, tanto dentro como fora do continente americano, como sugere a existência de uma variedade chamada Seminole Pumpkin, cultivada desde tempos pré-colombianos por grupos indígenas da Flórida, assim como as ilustrações botânicas de seus frutos realizadas na Europa, no século 17 (LIRA-SAADE, 1995).

No Brasil, também existe uma ampla variabilidade genética de *C. moschata* e *C. maxima*, presente principalmente nas variedades locais mantidas pelos agricultores. Outras espécies, como *C. ficifolia*, também estão presentes na Região Sul do País. Ramos (1996), com o objetivo de caracterizar morfológicamente acessos de germoplasma coletados no Nordeste brasileiro, avaliou 22 descritores e verificou a existência de grande variabilidade genética. Alguns acessos apresentaram características específicas (precocidade, maior teor de sólidos solúveis, maior espessura da polpa, maior e menor peso de frutos e alto teor de matéria seca), que podem integrar estratégias de melhoramento. Queiroz (1993) também detectou grande variabilidade genética nas populações de abóboras e jerimums coletadas no Nordeste do Brasil, em relação às características de fruto, como cor da polpa, cavidade interna, tamanho e formato do fruto e cor da casca.

Na região central do Brasil, também existe uma grande variabilidade genética, principalmente de *C. moschata*. Ferreira e Lopes (2005) verificaram que, nos estados do Tocantins e de Mato Grosso, é grande a variabilidade nos padrões dos frutos de *C. moschata*, em termos de tamanho (variando de muito grande a muito pequeno), formato (variando de redondo a alongado, com e sem pescoço), padrão da casca dos frutos (vários tipos) e cor da polpa (laranja muito intenso a laranja muito claro). Constataram, ainda, que os produtores desses estados praticam um cultivo tradicional de abóbora, sem o uso de insumos químicos, para consumo da própria família e com o uso

de variedades locais presentes há muitos anos nessas regiões, havendo ainda relatos de que as sementes são conservadas pelas famílias há mais de 40 anos. Carmo et al. (2006) também verificaram uma ampla variabilidade genética de *C. moschata* na região norte do Espírito Santo e no sul da Bahia, principalmente com relação ao tamanho do fruto (variando de muito grande a pequeno) e ao seu formato (variando de redondo a alongado, com e sem pescoço). Foi constatado também que a conservação *on farm* de abóboras nessas regiões é uma atividade constante e tradicional e que a conservação de sementes de variedades tradicionais é feita há mais de 30 anos por algumas famílias.

Coleções de germoplasma no Brasil e nos Estados Unidos

No Brasil, existem coleções de germoplasma de *Cucurbita* em seis instituições, ou seja, na Embrapa Clima Temperado (Pelotas, RS), na Embrapa Hortaliças (Brasília, DF), na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Brasília, DF), na Embrapa Semi-Árido (Petrolina, PE), na Universidade Federal de Viçosa (Viçosa, MG) e no Instituto Agronômico de Campinas (Campinas, SP). Com exceção da coleção existente na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, que consiste no acervo conservado em longo prazo (Coleção de Base de Germoplasma Semente – Colbase), nas demais instituições, o germoplasma é conservado em médio prazo (Bancos Ativos de Germoplasma).

Nos Bancos Ativos de Germoplasma, são conservados acessos de *C. maxima* (1.330); *C. moschata* (2.754); *C. pepo* (90); *C. ficifolia* (1) e 486 de espécies de *Cucurbita*, ainda não identificadas, fazendo um total de 4.661 acessos. Na COLBASE, são mantidos 510 acessos de *C. maxima*, 1.173 de *C. moschata*, 14 de *C. pepo*, 2 de *C. ficifolia*, 4 de *C. pepo* var. *melo pepo*, 5 híbridos entre *C. moschata* x *C. maxima* e 23 de espécies não identificadas de *Cucurbita*, totalizando

1.731 acessos de germoplasma. Em uma pequena coleção de trabalho mantida na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, são conservados acessos de *C. moschata* (517), de *C. maxima* (21) e de *C. pepo* (3).

Esses acessos de germoplasma de *Cucurbita* foram coletados em diferentes estados brasileiros: Alagoas, Amazonas, Bahia, Ceará, Distrito Federal, Espírito Santo, Goiás, Maranhão, Mato Grosso, Minas Gerais, Paraíba, Paraná, Pernambuco, Piauí, Rio de Janeiro, Rio Grande do Norte, Rio Grande do Sul, Santa Catarina, São Paulo, Sergipe e Tocantins.

Com base nas informações acima, verifica-se que, entre as espécies, *C. moschata* e *C. maxima* são as que possuem maior número de materiais conservados, ou seja, 4.444 e 1.861 acessos de germoplasma, respectivamente. É preocupante o número de acessos de germoplasma com espécies não identificadas (509). Além disso, a maior parte das coletas foi realizada nas regiões Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste, apesar de algumas coletas terem sido realizadas na Região Sul (83 acessos). Tais resultados demonstram a necessidade de se realizarem novas expedições de coleta de germoplasma em regiões que ainda não foram visitadas e, até mesmo, naquelas que já foram visitadas, mas onde foi coletado pouco material. Deve-se ter atenção para com a Região Norte do País, já que apenas dois acessos de *C. moschata* estão sendo conservados. Outro ponto de preocupação é o fato de apenas 33 % dos acessos mantidos em médio prazo estarem conservados em longo prazo na Colbase.

Nos Estados Unidos, conforme consulta realizada em janeiro de 2006 no Germplasm Resources Information Network (Grin), estão armazenados no National Plant Germplasm System (NPGS) 3.115 acessos de *Cucurbita* de 28 espécies diferentes, originados de 84 países. As espécies que contêm maior número de acessos conservados são: *C. pepo* (920); *C. moschata* (828); *C. maxima* (810); *C. argyrosperma* (148); *C. ficifolia* (92) e *Cucurbita argyrosperma subsp. sororia* (62). Das demais espécies, porém, são mantidas em torno de 40 a apenas uma amostra (*C. cordata*, *C. digitata* e

C. palmata). De origem brasileira, são poucos os acessos mantidos nos Estados Unidos, a saber: dois de *C. maxima*, oito de *C. moschata* e dois de *C. pepo*.

De acordo com a FAO (1998), existem 17.309 acessos de germoplasma do gênero *Cucurbita* conservados em vários países. Desses acessos, apenas 1.220 estão sendo conservados em longo prazo no National Seed Storage Laboratory (NSSL), nos Estados Unidos. No entanto, no relatório da FAO, não foi incluída a coleção de *Cucurbita* conservada em longo prazo na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Colbase), que, ademais, apresenta maior número de acessos que os mantidos no NSSL. Vale ressaltar que há a possibilidade de aumentar o número de acessos mantidos na Colbase, já que muitos dos acessos conservados nos bancos ativos da Embrapa, em condições de conservação em médio prazo, ainda não foram incorporados à empresa (SILVA et al., 2005).

Melhoramento genético

Estudos básicos e aplicados têm sido realizados dentro do gênero *Cucurbita*, cujos resultados são fundamentais para o melhoramento genético. Por exemplo, Labrada et al. (1998), com o objetivo de demonstrar o papel de raças locais como fonte de germoplasma para o melhoramento, visando à resistência a fatores bióticos e abióticos, avaliaram 34 raças de *C. moschata* de diferentes origens cubanas e observaram alta variabilidade genética, indicando o emprego desse germoplasma em programas de melhoramento.

Avanços significativos têm ocorrido no melhoramento das espécies cultivadas com o uso de espécies silvestres e/ou raças locais como fontes de resistência. Tem sido detectada resistência ao vírus WMV-2 (Watermelon mosaic virus – Type 2) em espécies silvestres de *Cucurbita*, como em *C. ecuadorensis* e *C. foetidissima* (PROVVIDENTI et al.,

1978), *C. pedatifolia*, *C. ficifolia* e em variedades locais de *C. moschata* (GILBERT-ALBERTINI et al., 1993; PROVVIDENTI, 1986). A resistência ao WMV-2 e aos vírus PRSV-W (Papaya ringspot virus – Type watermelon), ZYMV (Zucchini yellow mosaic virus) e CMV (Cucumber mosaic virus) foi transferida de *C. ecuadorensis* para *C. maxima* (HERRINGTON et al., 1991). Genes de resistência aos vírus ZYMV e WMV-2 não têm sido detectados em *C. pepo* (FUCHS; GONSALVES, 1995). Maluf et al. (1986) obtiveram bons resultados ao cruzar *C. maxima* e *C. moschata* (resistente a WMV-2). Da mesma forma, Munger e Provvidenti (1987), ao intercrossarem uma variedade resistente com outra suscetível de *C. moschata*, obtiveram indivíduos resistentes ao vírus ZYMV. Robinson et al. (1988) também obtiveram plantas F₁ e F₂ resistentes ao ZYMV ao cruzarem *C. ecuadorensis* (resistente) com *C. maxima*. Giampan e Rezende (2005) estudaram a suscetibilidade de *C. moschata*, *C. maxima* e de um híbrido entre essas espécies, quanto ao vírus ZLCV (Zucchini lethal chlorosis virus). Os experimentos foram realizados a campo (infestação natural) e em casa-de-vegetação (infestação por inoculação mecânica). Com base no monitoramento dos sintomas e por PTA-ELISA, os autores verificaram que tanto a campo como em casa-de-vegetação, a abóbora híbrida do tipo Tetsukabuto e a abobrinha de moita 'Caserta' mostraram alta suscetibilidade ao vírus; a abóbora 'Menina Brasileira' apresentou menor suscetibilidade, e a moranga (*C. maxima*) não foi infectada. Dessa forma, ficou claro que a moranga é altamente resistente ao vírus.

Foram identificados genes de resistência a outros patógenos que causam doenças nas espécies cultivadas de *Cucurbita*, como, por exemplo, para *Sphaerotheca fuliginea*, presentes em algumas espécies silvestres (*C. lundeliana*, *C. ecuadorensis* e *C. okeechobeensis*), os quais têm sido transferidos para *C. pepo* e *C. maxima* (DE VAULX; PITRAT, 1979). No entanto, a busca por genes de resistência a nematóides (DALMASSO et al., 1981) ou de tolerância à salinidade (ANASTASIO et al., 1988) em espécies silvestres e

cultivadas de *Cucurbita* não têm tido tanto êxito. Dalmasso et al. (1981) avaliaram as espécies silvestres *C. lundeliana*, *C. ecuadorensis* e *C. okeechobeensis*, ao passo que Anastasio et al. (1988) avaliaram apenas *C. okeechobeensis* ssp. *martinezii*.

A busca por indivíduos com alto rendimento e melhor qualidade de fruto também é considerada nos programas de melhoramento. Chitarra et al. (1979) conseguiram obter frutos de tamanho e de qualidade da polpa comparáveis a frutos de uma cultivar japonesa de alto rendimento, ao realizarem cruzamentos intra-específicos de *C. maxima* e interespecíficos entre *C. moschata* e *C. maxima*. Resultados similares foram obtidos por Robinson et al. (1987).

A investigação sobre a ação gênica em caracteres de importância agrônômica e econômica é realizada em algumas espécies de *Cucurbita*. Em relação aos caracteres comprimento do ramo principal, número de ramos laterais, dias para o florescimento masculino e feminino, dias para maturidade dos frutos, formato do fruto e teor de sólidos solúveis, foi observada a existência de ação gênica não aditiva, ao passo que, nos caracteres peso de 100 sementes e tamanho, largura e cavidade interna do fruto, foi verificada a presença de ação gênica aditiva. Todos esses caracteres, exceto o número de ramos laterais e o número de dias para o florescimento masculino e feminino, apresentaram altas estimativas de herdabilidade, assim como a produção de frutos por planta, número e peso de frutos, espessura da polpa, teor de betacaroteno e número de sementes. Foram constatadas também altas estimativas do progresso genético esperado para os seguintes caracteres: comprimento do ramo principal, produção de frutos por planta, número e peso de frutos, teor de sólidos solúveis e de betacaroteno e número de sementes (HASSAN et al., 1984; DOIJODE; SULLADMATH, 1985; DOIJODE; SULLADMATH, 1986, 1988; RANA et al., 1986).

Maluf et al. (1985), ao avaliarem uma população segregante obtida pelo cruzamento entre *C. maxima* e *C. moschata*,

verificaram que a resistência ao vírus WMV-1 é controlada por genes com ação predominantemente aditiva e que as herdabilidades no sentido amplo na geração F_2 foram de 0,69, 0,67 e 0,58 para 14, 21 e 28 dias após a inoculação. As herdabilidades no sentido amplo e no sentido restrito foram similares em virtude da predominância de ação gênica aditiva. As estimativas do ganho genético variaram de 42 % a 38 %, quando considerada a seleção massal praticada antes do florescimento de plantas com altos níveis de resistência.

Com o objetivo de estudar a herança da resistência ao vírus ZYMV, Paran et al. (1989) estudaram as gerações segregantes oriundas do cruzamento entre *C. maxima* e *C. ecuadorensis*. Verificaram que o efeito gênico aditivo apresentou maior contribuição para a resistência, e que a herdabilidade no sentido restrito foi de 0,91. Constataram que a seleção empregando o método ELISA e a seleção visual apresentaram alta correlação positiva (0,76), demonstrando a eficiência do segundo método nas avaliações para resistência ao vírus.

Foram estudadas características de fruto no cruzamento entre *C. pepo* e *C. moschata*. O caráter fruto curto de *C. pepo* foi parcialmente dominante sobre fruto longo em *C. moschata*, e as herdabilidades no sentido amplo e restrito para comprimento do fruto foram de 0,8 e 0,5, respectivamente. O número de genes controlando cada caráter foi de 1 a 2 para peso de frutos, 14 para comprimento do fruto, 6 para largura do fruto e 1 para formato do fruto e peso de sementes (HASSAN et al., 1984).

Em relação ao potencial das espécies silvestres como fontes de novos produtos, destacam-se as espécies *C. foetidissima*, *C. cordata*, *C. digitata* e *C. palmata*, cujas sementes contêm importantes quantidades de óleo e proteínas e cujas raízes são ricas em amido. Principalmente *C. foetidissima* tem sido amplamente pesquisada e cultivada em áreas de extrema aridez (SCHEERENS et al., 1991 citados por LIRA-SAADE, 1995).

O uso das cucurbitáceas no controle de pragas também tem sido muito estudado, pois as cucurbitacinas, compostos químicos presentes em altas concentrações nos frutos das espécies silvestres de *Cucurbita*, funcionam como protetoras das plantas contra o ataque de insetos (RHODES et al., 1980; METCALF; LAMPMAN, 1988).

Situação atual e perspectivas

Avanços significativos têm ocorrido, nas últimas décadas, no que diz respeito aos conhecimentos adquiridos sobre o gênero *Cucurbita*. Contudo, muito ainda necessita ser investigado, como, por exemplo, a evolução das espécies cultivadas *C. ficifolia* e *C. moschata*, pois seus ancestrais ainda são desconhecidos, havendo fortes indícios de que tais respostas devam ser buscadas na América do Sul.

Também é preciso aprofundar os conhecimentos sobre a expressão sexual e o sistema reprodutivo das espécies, visto que Kohn e Biardi (1995) verificaram que populações de *C. foetidissima* possuem plantas ginóicas e monóicas e apresentam um sistema misto de reprodução. Como a expressão sexual é muito diversificada na família Cucurbitaceae, como no gênero *Cucumis* (apresenta plantas andromonóicas, andróicas, ginóicas, ginomonóicas, hermafroditas, monóicas e trimonóicas¹), talvez isso também possa acontecer no gênero *Cucurbita*. Aliás, Kubicki (1972), citado por Robinson et al. (1976), detectou mutantes andróicos oriundos de *C. pepo*.

Outra necessidade urgente se refere à realização de um diagnóstico sobre as áreas de ocorrência e as condições de conservação *in situ*, *on farm* e *ex situ* das espécies do gênero *Cucurbita* nas Américas. Um diagnóstico dessa natureza

¹ Andromonóicas (plantas com flores masculinas e perfeitas), andróicas (plantas com somente flores masculinas), ginóicas (plantas com apenas flores femininas), ginomonóicas (plantas com flores femininas e perfeitas), hermafroditas (plantas com apenas flores perfeitas), monóicas (plantas com flores masculinas e femininas) e trimonóicas (plantas com flores masculinas, femininas e perfeitas).

fornecerá subsídios fundamentais para a tomada de decisões e para a definição de novas estratégias de conservação e uso sustentável dos recursos genéticos de *Cucurbita* nas Américas. Considerando apenas as coleções existentes no Brasil e nos Estados Unidos, citadas aqui, verifica-se que a quantidade de acessos de germoplasma conservados das espécies silvestres do gênero está muito aquém do que a das espécies cultivadas. Somente esse fato já indica a necessidade de melhor representar as espécies silvestres nas coleções ex situ. Outro ponto a ser considerado é a definição de sítios de conservação in situ que praticamente inexistem, pois isso contribuirá para a manutenção dos processos evolutivos e, com certeza, para que, cada vez mais, sejam aprimorados os conhecimentos sobre essas espécies. Igualmente importante é desenvolver programas de estímulo e suporte para a conservação *on farm*, que contribuirá não somente para a manutenção dos processos evolutivos, mas também para a melhoria das condições de vida de pequenos agricultores.

Em relação às coleções ex situ, estas não precisam apenas ser enriquecidas, mas também ser devidamente mantidas, e os acessos nelas conservados devem ser criteriosamente caracterizados e avaliados. Atualmente, os bancos de germoplasma, principalmente em países em desenvolvimento, enfrentam uma série de dificuldades, como limitações nos espaços físicos, que os impedem de ser adequados para manter, regenerar e avaliar as coleções e, sobretudo, a enorme carência de recursos financeiros que são cada vez mais limitados para atividades dessa natureza. A caracterização e a avaliação dos acessos de germoplasma podem ser enormemente incrementadas com o desenvolvimento de programas de pré-melhoramento que visem à identificação de genes de interesse, como a resistência a fatores bióticos e abióticos, entre outros.

Por fim, é fundamental ressaltar que a integração e a consolidação de parcerias entre as diferentes instituições nacionais dos diversos países do continente americano,

com certeza, fortalecerão e aperfeiçoarão as inúmeras pesquisas que ainda precisam ser realizadas, assim como a devida conservação e o eficiente uso dos recursos genéticos de *Cucurbita*.

Referências

- ANASTASIO, G.; PALOMARES, G.; NUEZ, F. Salinity responses among wild cucurbits. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Raleigh, v. 11, p. 91-92, 1988.
- ANDRES, T. C. *Cucurbita fraterna*, the closest wild relative and progenitor of *C. pepo*. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Raleigh, v. 10, p. 69-71, 1987.
- ARIMA H. K.; RODRIGUEZ-AMAYA, D. B. Carotenoid composition and vitamin A value of a squash and pumpkin from Northeastern Brazil. **Archivos Latinoamericanos de Nutrición**, Caracas, v. 40, p. 284-292, 1990.
- CARMO, C. A. S. do; LOPES, J. F.; FERREIRA, M. A. J. da F. Diagnóstico sobre a distribuição geográfica e as condições de conservação *on farm* de *Cucurbita* ssp. na região norte do Espírito Santo e sul da Bahia. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 46., 2006, Goiânia. **Anais...** Goiânia: UFG, 2006. 1 CD-ROM.
- CHITARRA, M. I. F.; CARVALHO, V. D.; CHENG, S. S.; PEDROSA, J. F.; PAULA, M. B. Características físicas e químicas de genótipos de abóbora (*C. moschata* Duch.) e moranga (*C. maxima* Duch.) e seus híbridos. **Ciência e Prática**, Lavras, v. 3, n.1, p. 44-50. 1979.
- DALMASSO, A.; DE VAULX, R. D.; PITRAT, M. Response of some *Cucurbita* and *Cucumis* accessions to three *Meloidogyne* species. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Raleigh, v. 4, p. 53-54, 1981.
- DE VAULX, R. D.; PITRAT, M. Interspecific cross between *Cucurbita pepo* and *C. martinii*. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Raleigh, v. 2, p. 35, 1979.
- DOIJODE, S. D.; SULLADMATH, U. V. Genetics of certain fruit characters in pumpkin (*Cucurbita moschata* Poir.). **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Giza, v. 14, p. 35-40, 1985.
- DOIJODE, S. D.; SULLADMATH, U. V. Genetics of certain vegetative and flowering characters in pumpkin (*Cucurbita moschata* Poir.). **Agricultural Science Digest Karnal**, Karnal, v. 8, n. 4, p. 203-206, 1988.
- DOIJODE, S. D.; SULLADMATH, U. V. Genetic variability and correlation studies in pumpkin (*Cucurbita moschata* Poir.). **Mysore Journal of Agricultural Sciences**, Bangalore, v. 20, n. 1, p. 59-61, 1986. Resumo.
- FAO. **The state of the world's plant genetic resources for food and agriculture**. Rome, 1998. 510 p.
- FERREIRA, M. A. J. da F.; LOPES, J. F. Diagnóstico sobre a distribuição geográfica e as condições de conservação *on farm* de *Cucurbita* ssp. nos estados do Tocantins e Mato Grosso. In: ENCONTRO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS-REGIONAL DF, 1., 2005, Brasília. **Anais...** Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2005. 1 CD-ROM.
- FUCHS, M.; GONSALVES, D. Resistance of transgenic hybrid squash ZW-20 expressing the coat protein genes of zucchini yellow mosaic virus and watermelon mosaic virus 2 to mixed infection by both potyviruses. **Nature Biotechnology**, New York, v. 13, p. 1.466-1.473, 1995.

- GIAMPAN, J. S.; REZENDE, J. M. A. Reação de espécies de cucurbitáceas à infecção com a *Zucchini lethal chlorosis virus* (ZLCV). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 45.; CONGRESSO BRASILEIRO DE FLORICULTURA E PLANTAS ORNAMENTAIS, 15.; CONGRESSO BRASILEIRO DE CULTURA DE TECIDOS DE PLANTAS, 2., 2005, Fortaleza. Resumos expandidos... Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical: UFC: SEBRAE-CE, 2005. 1 CD-ROM.
- GILBERT-ALBERTINI, F.; LECOQ, H.; PITRAT, M.; NICOLET, J. L. Resistance of *Cucurbita moschata* to watermelon mosaic virus type 2 and its generic relation to resistance to zucchini yellow mosaic virus. **Euphytica**, Wageningen, v. 69, p. 231-237, 1993.
- HASSAN, A. M.; SHERIF, H. S.; NAZEEM, H. R.; ABDEL MIGID, A. A. Genetic behavior of some economic characters in squashes (*Cucurbita* sp.). **Annals of Agricultural Science**, Moshotor, v. 22, n. 1, p. 175-187, 1984.
- HERRINGTON, M. E.; PRYTZ, S.; BROWN, P. Resistance to papaya ringspot virus-W, zucchini yellow mosaic virus and watermelon mosaic virus-2 in *C. maxima*. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Raleigh, v. 14, p.123, 1991.
- HURD JUNIOR, P.D.; LINSLEY, E. G.; WHITAKER, T. W. Squash and gourd bees (Peponasis, Xenoglossa) and the origin of the cultivated *Cucurbita*. **Evolution**, Arizona, v. 25, n. 1, p. 218-234, 1971.
- JOBST, J.; KING, K.; HEMLEBEN, V. Molecular evolution of the internal transcribed spacers (ITS1 and ITS2) and phylogenetic relationships among species of the family Cucurbitaceae. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, London, v. 9, n. 2, p. 204-219, 1998.
- KOHN, J. R.; BIARDI, J. E. Outcrossing rates and inferred levels of inbreeding depression in gynodioecious *Cucurbita foetidissima* (Cucurbitaceae). **Heredity**, London, v. 75, p. 77-83, 1995.
- LABRADA, H. R.; ALMIRALL, F.; GALARRAGA, E. C. Tropical pumpkin (*Cucurbita moschata*) for marginal conditions: breeding for stress interactions. **Plant Genetic Resources Newsletter**, Roma, n. 113, p. 4-7, 1998.
- LIRA-SAADE, R. L. **Estudios taxonómicos y ecogeográficos de las cucurbitáceas latinoamericanas de importancia económica**. Rome: IPGRI, 1995. 281 p. (IPGRI. Systematic and Ecogeographic Studies on Crop Gene pools, 9).
- MALUF, W. R.; MOURA, W. M.; SILVA, I. S.; CASTELO-BRANCO, M. Screening of *Cucurbita* ssp. accessions for resistance to watermelon mosaic virus-1. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 1, p. 161-167, 1986.
- MALUF, W. R.; SILVA, I. S. da S.; MOURA, W. de M. Inheritance of watermelon mosaic virus-1 (WMV-1) resistance in squash *Cucurbita maxima* Duch. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 18, n. 1, p. 175-182, 1985.
- METCALF, R. L.; LAMPMAN, R. L. *Cucurbita* blossom aroma and Diabrotica rootworm beetle attraction. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Raleigh, v. 11, p. 76-78, 1988.
- MOURA, M. C. C. L. **Identificação de fontes de resistência ao potyvirus ZYMV e diversidade genética e ecogeográfica em acessos de abóbora**. 2003. 86 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- MUNGER, H. M.; PROVVIDENTI, R. Inheritance of resistance to zucchini yellow mosaic virus in *Cucurbita moschata*. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Raleigh, v. 10, p. 80-81, 1987.
- NEE, M. The domestication of *Cucurbita* (Cucurbitaceae). **Economy Botany**, New York, v. 44, p. 56-68, 1990.
- PARAN, I; SHIFRIS, C.; RACCAH, B. Inheritance of resistance to Zucchini yellow mosaic virus in the interspecific cross *Cucurbita maxima* × *C. ecuadorensis*. **Euphytica**, Wageningen, v. 42, n. 3, p. 227-232, 1989.

PROVVIDENTI, R.; ROBINSON, R. W.; MUNGER, H. G. Multiple virus resistance in *Cucurbita* species. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Raleigh, v. 1, p. 26-27, 1978.

PROVVIDENTI, R. Viral diseases of cucurbits and sources of resistance. **ASPAC Food & Fertilizer Technology Center**, Taipei, v. 93, p. 1-16, 1986.

QUEIRÓZ, M. A. de. Potencial de germoplasma de cucurbitáceas no nordeste brasileiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 11, n. 1, p. 7-9, 1993.

RAMOS, S. R. R. **Avaliação da variabilidade morfoagronômica de abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) do Nordeste brasileiro**. 1996. 70 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

RANA, T. K.; VASHISTHA, R. N.; PANDITA, M. L. Genetic variability and heritability studies in pumpkin (*Cucurbita moschata* Poir.). **Haryana Journal of Horticultural Sciences**, Hissar, v. 15, n. 1-2, p. 71-75, 1986.

RHODES, A. M.; METCALF, R. L.; METCALF, E. R. Bitter *Cucurbita* hybrids as baits for Diabroticite beetle control. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Raleigh, v. 3, p. 44, 1980.

ROBINSON, R. W.; MUNGER, H. M.; WHITAKER, T. W.; BOHN, G. W. Genes of Cucurbitaceae. **HortScience**, Alexandria, v. 11, n. 6, p. 554-568, 1976.

ROBINSON, R. W.; SHAIL, J. W.; MORIARTY, G. A source of genes for improved fruit color and large fruit size in *Cucurbita moschata*. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Raleigh, v. 10, p. 91, 1987.

ROBINSON, R. W.; WEEDEN, N. F.; PROVVIDENTI, R.; Inheritance of resistance to zucchini yellow mosaic virus in the interspecific cross *Cucurbita máxima* X *C. ecuadorensis*. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Raleigh, v. 11, p. 74-75, 1988.

SILVA, D. B da; WETZEL, M. M. V. da S.; FERREIRA, M. A. J. da F.; LOPES, J. F.; BUSTAMANTE, P. G. Conservação de germoplasma de *Cucurbita* ssp. a longo prazo no Brasil. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS DE FRUTAS E HORTALIÇAS, 1., 2005, Pelotas. **Anais...** Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2005. p. 253-257.

WHITAKER, T. W.; BEMIS, W. P. Cucurbits – *Cucumis*, *Citrullus*, *Cucurbita*, *Lagenaria* (Cucurbitaceae). In: SIMMONDS, N. W. **Evolution of crop plants**. London: Longman, 1976. p. 64-69.

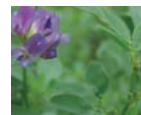
WILSON, H. D.; DOEBLEY, J.; DUVALL, M. Chloroplast DNA diversity among wild and cultivated members of *Cucurbita* (Cucurbitaceae). **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 84, p. 859-865, 1992.



A Ifafa

A rainha das forrageiras: dos hititas à era da genômica

Foto: Rosa Lía Barbieri



A alfafa

Maria Teresa Schifino-Wittmann

A alfafa (*Medicago sativa* L.), a “rainha das forrageiras”, pertence à família Leguminosae, subfamília Papilionoideae (ou Faboideae).

Originária do atual Irã, a alfafa é uma planta herbácea perene tetraplóide ($2n=4x=32$), cultivada nas regiões temperadas e subtemperadas do mundo. Registros arqueológicos mostram que ela já era utilizada na alimentação animal há muito tempo. A história da alfafa está ligada aos povos criadores de cavalos e aos movimentos dos exércitos conquistadores, que a disseminaram durante as guerras e invasões.

Além de forrageira, tem papel importante na melhoria do solo, em virtude da sua capacidade fixadora de nitrogênio por simbiose com *Rhizobium meliloti*. Também é utilizada para diversos outros fins, até mesmo na alimentação humana. Uma espécie relacionada – *M. truncatula* Gaertn. – está sendo objeto de mapeamento genômico, que já se encontra em fase bastante adiantada.

Neste capítulo, será apresentada a importância econômica da alfafa, bem como sua taxonomia, origem, evolução e aspectos gerais de seu melhoramento e de espécies relacionadas.

Importância econômica

A alfafa é uma planta forrageira, herbácea, perene, extensivamente cultivada nas regiões temperadas e tropicais secas do mundo, utilizada como feno, pastagem e silagem. Mais do que qualquer outra cultura forrageira adaptada a essas regiões, a alfafa combina alta produção de biomassa, perfis nutricionais ótimos e sobrevivência adequada, o que torna seu cultivo ideal para gado de leite e corte. No contexto de um sistema de culturas, controla a erosão do solo, aumenta a qualidade da água, diminui as epidemias de pragas e doenças que atacam as plantas e contribui significativamente para a quantidade de nitrogênio disponível para as culturas sucessoras. Para ser lucrativa, a alfafa deve sustentar altas produções por um período de vários anos (BRUMMER, 2004), e essa sobrevivência depende do estabelecimento de um profundo sistema de raízes, que também confere um alto grau de resistência à seca. Seus brotos surgem de gemas da coroa e a produção de forragem pode ser aumentada por brotos axilares (LANGER, 1995).

É uma planta glabra, com folhas trifolioladas, folíolo central levemente elevado e pecíolo curto. Os folíolos são ovóides, serrilhados na margem superior, com nervura saliente. Uma planta de alfafa pode chegar a ter de 5 a 25 ramos com até 60 cm a 90 cm de altura (BARNES; SHEAFFER, 1985). As flores, papilionáceas típicas, com 10 estames compactados dentro das pétalas da quilha, são púrpura-azuladas e ficam dispostas em racemos axilares. Para haver polinização, deve ocorrer estímulo mecânico (*tripping*). Nesse processo, a coluna estaminal é projetada com

violência, atingindo o inseto polinizador. Por isso, a abelha doméstica, *Apis mellifera*, não é um polinizador muito eficiente, a não ser que seja utilizada uma alta densidade de colméias. Mais confiáveis, apesar de não controláveis, são as abelhas do gênero *Bombus* (*bumble-bees*). Em condições ensolaradas e de climas amenos, *Megachille rotundata* (*leaf cutter bee*) é a melhor polinizadora da alfafa. Em alguns locais, essa espécie já é, até mesmo, domesticada e amplamente empregada (LANGER, 1995). As vagens são enroladas em cerca de duas a cinco voltas. As sementes são geralmente riniformes, com tamanho que varia de 1 mm a 2 mm (TEUBER; BRICK, 1988). A alfafa é normalmente alógama, mas pode haver uma certa taxa de autofecundação (BARNES; SHEAFFER, 1985; LANGER, 1995). O mecanismo de auto-incompatibilidade presente em alfafa, o qual aparentemente reside em interações entre o tubo polínico e o óvulo, dentro da cavidade ovariana, é apenas parcialmente efetivo para evitar a autofertilização (VIANDS et. al., 1988).

Mesmo agora, no início do terceiro milênio, a alfafa – cultura extremamente benéfica e versátil – continua a ser uma das principais forrageiras do mundo, sendo essa sua utilização preponderante (RUSSELLE, 2001). Apesar de os fertilizantes nitrogenados e as tecnologias de controle de pragas e doenças terem reduzido a necessidade de rotação de culturas que incluem leguminosas perenes, a alfafa continua sendo importante para a melhoria do solo, além de ser uma das principais fontes de alimento utilizada para os animais. Além disso, ela também tem outros papéis, como eliminar alguns poluentes. Os brotos de alfafa, bastante utilizados na alimentação humana, têm alta atividade antioxidante e concentração de fitoestrógenos. As folhas são fonte de vitaminas A, E e K, e têm quatro vezes mais vitamina C que sucos cítricos. Também há linhas que produzem fitases, e as fibras das plantas podem ser usadas na manufatura de papel (RUSSELLE, 2001).

Cerca de 55 % da área cultivada com alfafa no mundo (32,4 milhões de hectares) concentra-se nos Estados Unidos

(8,9 milhões de hectares), no Canadá, na Argentina (7,3 milhões de hectares) e na antiga União Soviética (LANGER, 1995; RUSELLE, 2001). Nos Estados Unidos, a importância da alfafa reflete-se até em nomes de localidades, como o Alfalfa County, em Oklahoma, e a cidade de Lucerne (nome utilizado na Europa para a alfafa), na Califórnia. É uma importante forrageira em vários países da América Central e da América do Sul, incluindo, além da Argentina, o Peru, o Chile e o Brasil. É encontrada em combinações especiais de solo e de clima no México, na Guatemala e no Equador (RUSSELLE, 2001).

Taxonomia, distribuição geográfica, origem e evolução

O gênero *Medicago*, considerado monofilético (BENA et al., 1998), compreende mais de 60 espécies, das quais dois terços são anuais e um terço é perene. É endêmico da região do Mediterrâneo, espalhando-se até a Espanha e Ilhas Canárias a leste, China ao oeste, Sibéria ao norte e Iêmen ao sul. O centro primário do gênero é encontrado no Cáucaso, noroeste do Irã e nordeste da Turquia (QUIROS; BAUCHAN, 1988). Supõe-se que sua evolução tenha ocorrido durante o período Terciário, no qual ocorreram diversos eventos geológicos importantes, como a formação de cadeias de montanhas, como os Alpes, os Pirineus, os Apeninos e o Himalaia. Com base na distribuição atual, a costa norte do Mediterrâneo parece ser a área de origem das espécies perenes. Durante essa época, a bacia do Mediterrâneo era quente e desértica em alguns períodos, provendo novos habitats e favorecendo o surgimento das espécies anuais a partir das perenes (QUIROS; BAUCHAN, 1988).

A alfafa cultivada faz parte do chamado complexo *M. sativa-falcata*, formado por táxons diplóides e tetraplóides, tratados por alguns autores como espécies e, por outros, como subespécies, o que é mais aceito atualmente.

Dentro desse complexo, as espécies básicas seriam *M. sativa* (alfafa cultivada), *M. falcata* e *M. glutinosa* ou, como é mais aceito atualmente, *M. sativa* subsp. *sativa* (L.) L & L., *M. sativa* subsp. *falcata* Arcangeli e *M. sativa* subsp. *glutinosa* M.B. Apesar da grande variabilidade morfológica e fisiológica que há entre os diferentes táxons, não existem barreiras evidentes ao fluxo gênico entre as diferentes formas de um mesmo nível de ploidia. Quando os diplóides são tetraploidizados, a hibridação com os tetraplóides naturais dá origem a híbridos férteis (STANFORD et al., 1972; QUIROS; BAUCHAN, 1988). Apesar de algumas diferenças morfológicas, *M. sativa* ssp. *falcata* e *M. sativa* ssp. *coerulea* Schmalh. pertencem à mesma espécie biológica, como demonstrado por análises genéticas e citogenéticas (MCCOY; BINGHAM, 1991); portanto, a denominação de subespécies é mais pertinente.

Formas diplóides e tetraplóides (mais raras) de *M. sativa* ssp. *falcata* (perene, flor amarela, vagens em geral retas ou em forma de foice) estão adaptadas a climas frios e ocorrem da Alemanha à Sibéria e da costa do Mar Negro à Bulgária (entre 42° e 62°N). As formas com flores púrpura-azuladas pertencem à silvestre *M. sativa* ssp. *coerulea* (anual, diplóide, flores púrpura-azuladas, vagens enroladas) ou à cultivada tetraplóide *M. sativa* ssp. *sativa*. Esta última prefere climas mais amenos. Híbridos entre as duas subespécies ocorrem e são denominados de *M. sativa* ssp. *x varia* Martin ou, antes de sua origem ser entendida, como *M. media* Pers. Na primeira geração, antes da segregação das características, as flores são esverdeadas (LANGER, 1995).

M. glomerata Balb. (perene, diplóide, flores amarelas e vagens enroladas) também é relacionada ao complexo *M. sativa* e supõe-se que tenha sido ancestral das subespécies diplóides *coerulea* e *falcata* e da tetraplóide *glutinosa* (LANGER, 1995) – Fig. 1.

Há muita especulação sobre a diferenciação morfológica das diplóides *M. sativa* ssp. *coerulea* e *M. sativa* ssp. *falcata*. Possivelmente, *M. glomerata* ocupava anteriormente uma

área maior, chegando ao Cáucaso, onde serviu de provável ancestral a duas subespécies do complexo, por separação espacial da população original. A população mais ao sul, *ssp. coerulea*, por pressões de seleção impostas pela competição por polinizadores, teria sofrido perda de carotenóides e antocianinas nas flores. A população ao norte, *ssp. falcata*, teria sofrido pressões de seleção para vagens retas, facilitando a dispersão das sementes (QUIROS; BAUCHAN, 1988).

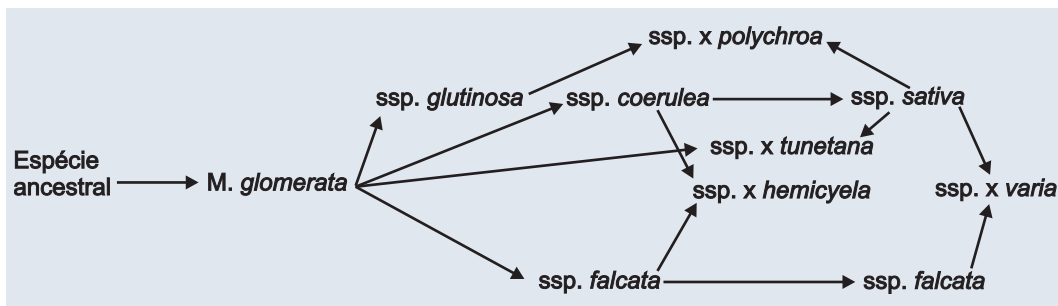


Fig. 1. Possível rota evolutiva no complexo *M. sativa* e espécies próximas, a partir de um ancestral perene.
Fonte: Quiros; Bauchan (1988).

A subespécie *M. sativa ssp. coerulea* é considerada como progenitor da alfafa cultivada, que teria se originado dessa diplóide por meio da união de gametas não reduzidos (PFEIFFER; BINGHAM, 1983; MCCOY; BINGHAM, 1988), os quais deram origem a indivíduos altamente heterozigotos e agressivos o bastante para colonizar novos habitats e ultrapassar a zona de distribuição dos diplóides (QUIROS; BAUCHAN, 1988) – Fig. 1. A distribuição tanto de *M. sativa ssp. coerulea* como de *M. sativa ssp. sativa*, ambas adaptadas a climas temperados, abrange um extenso território, incluindo a região do Mediterrâneo, o Oriente Próximo e o Médio, o Cáucaso e a Ásia Central, a Ásia Média e a Ásia do Sul (QUIROS; BAUCHAN, 1988).

Muitas das relações entre espécies de formas de *Medicago* foram examinadas considerando características morfológicas, bioquímicas e de cruzamentos (QUIROS; BAUCHAN, 1988). Análises filogenéticas no gênero têm sido feitas prin-

principalmente com as espécies anuais (BRUMMER et al., 1995; MARIANI et al., 1996; BENA et al., 1998).

Anteriormente, havia discordância sobre a origem alo ou autopoliplóide da alfafa, o que se refletiria no tipo de herança: dissômica ou tetrassômica. Uma das razões que contrariava a origem autotetraplóide era a frequência muito baixa de quadrivalentes, os quais normalmente seriam esperados em autotetraplóides recentes. A observação de bivalentes nos haplóides, mostrando haver homologia entre os cromossomos mesmo nesse nível, demonstrou a estrutura autopoliplóide da alfafa (BINGHAM; GILLIES, 1971). A herança tetrassômica foi provada pela primeira vez por Stanford (1951), para um fator para flor púrpura, e demonstrado, posteriormente, para diversas outras características, como o controle genético de várias isoenzimas (QUIROS, 1982; CORTS; MARTINEZ, 2000) e os marcadores SSR (Simple Sequence Repeats) e AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) (JULIER et al., 2003). Atualmente, sabe-se que, mesmo em autotetraplóides recentes, há uma tendência a uma rápida regularização do pareamento cromossômico (RAMSEY; SCHEMSKE, 2002). Portanto, a formação de quadrivalentes não é um critério que permita a distinção estabelecida entre autopoliplóides e alopoliplóides.

O fluxo gênico entre populações silvestres e cultivadas de alfafa é comum, e é possível que a hibridação de *M. sativa* ssp. *sativa* e *M. sativa* ssp. *falcata* tenha contribuído para o cultivo da alfafa ao longo de grande parte da zona temperada (QUIROS; BAUCHAN, 1988).

Jenczewski et al. (1999a, b), utilizando RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) e alozimas, observaram fluxo gênico entre populações naturais e cultivadas de *M. sativa* da Espanha, mas verificaram que havia mecanismos opostos impedindo a manutenção das características cultivadas nas populações naturais, apesar da distribuição parapátrica dos dois tipos de populações.

Muller et al. (2001) estudaram a diversidade de DNA mitocondrial para entender a dinâmica do complexo de populações silvestre-cultivadas de *M. sativa* na Espanha. Observaram sete mitótipos (perfis diferentes de DNA mitocondrial), dos quais dois são específicos das populações naturais, mostrando que a forma selvagem de *M. sativa* na Espanha representa um pool gênico original em relação à cultivada. A presença de outros mitótipos, comuns a ambas as populações, mostra que há fluxo gênico das cultivadas para as silvestres. Muller et al. (2003), utilizando RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) de DNA mitocondrial, verificaram que as populações espanholas naturais de alfafa são um pool gênico endêmico com introgressão parcial da cultivada. Prosperi et al. (2006), por meio de análise multivariada para diversos caracteres quantitativos, identificaram populações híbridas entre formas cultivadas e silvestres.

Citogenética

O número cromossômico básico do gênero *Medicago* é $x=8$. A maioria das espécies é diplóide com $2n=2x=16$, com exceção das espécies anuais *M. constricta* Dur., *M. praecox* DC., *M. polymorpha* L., e *M. rigidula* (L). All., todas com $2n=2x=14$, e *M. murex* Willd., que apresenta $2n=14$ e $2n=16$, indicando ocorrência de disploidia durante a evolução. O nível tetraplóide ($2n=4x=32$) é verificado tanto na alfafa cultivada, quanto em *M. glutinosa*, *M. arborea* L., *M. dzhawakhetica* Bordz. e *M. schischkinii* Sumn. Raças diplóides ($2n=2x=16$) e tetraplóides ($2n=4x=32$) são encontradas em *M. sativa* ssp. *falcata*, *M. lupulina* L. *M. papillosa* Boiss. e *M. prostrata* Jacq. O nível hexaplóide ($2n=6x=48$) é encontrado em *M. saxatilis* M.B. e *M. cancellata* M.B. Duas espécies, *M. rugosa* Desr. e *M. scutellata* Mill., possuem o número incomum de $2n=30$ (LESINS; GILLIES, 1972; MCCOY; BINGHAM, 1988; QUIROS; BAUCHAN, 1988; MARIANI; FALISTOCCO, 1990; MARIANI; FALISTOCCO 1991).

A citogenética em alfafa e em espécies relacionadas não está tão desenvolvida como em outras plantas cultivadas. Seus cromossomos são relativamente pequenos (2–3 µm em células somáticas) e morfologicamente semelhantes. O fato de a alfafa cultivada ser um autotetraplóide, com quatro genomas quase idênticos, dificulta a análise genética (McCOY; BINGHAM, 1991; BAUCHAM; HOSSAIN, 1997).

A maioria dos trabalhos publicados relata determinações de número cromossômico somático, cariótipos (de cromossomos somáticos e paquiteno da meiose) e análises do comportamento meiótico de espécies e de populações (LESINS, 1957; STANFORD; CLEMENT, 1958; GILLIES, 1970a, 1970b; ARMSTRONG, 1971; STANFORD et al., 1972; MARIANI et al., 1978; SCHLARBAUM et al., 1984; BAUCHAN; CAMPBELL, 1994; MARIANI et al., 1996), e também de híbridos somáticos (PUPILLI et al., 1995).

O bandeamento cromossômico trouxe um maior poder de discriminação dos cromossomos dentro das espécies e entre elas. Trabalhos com banda-C levaram à identificação de bandas heterocromáticas na alfafa cultivada e em táxons diplóides do complexo *sativa-falcata*, bem como à identificação dos cromossomos do cariótipo (MASOUD et al., 1991; MARIANI; FALISTOCCO, 1990; MARIANI; FALISTOCCO, 1991; FALISTOCCO; FALCINELLI, 1993; BAUCHAN; HOSSAIN, 1997; BAUCHAN; HOSSAIN, 2001) e de cromossomos extranumerários (HOSSAIN; BAUCHAN, 1999), além da verificação da existência de polimorfismo para a heterocromatina constitutiva dentro de diferentes genótipos e populações de alfafa e entre eles (BAUCHAN et al., 2002; BAUCHAN et al., 2003). Bandeamento N permitiu identificar os cromossomos das subespécies *coerulea* e *falcata* e distingui-los nos híbridos (BAUCHAN; HOSSAIN, 1998).

Alguns trabalhos com FISH (Fluorescent in situ Hybridization) para os sítios 18S-5.8S-25S e 5S rDNA foram realizados com as subespécies diplóides do complexo *sativa-coerulea-falcata*, com a alfafa cultivada e com

M. glomerata. Além do mapeamento dos sítios nos cromossomos (CALDERINI et al., 1996; FALISTOCCO, 2000), foi verificado que o número de sítios nos tetraplóides era o dobro do número de sítios nos diplóides, e que a distribuição dos genes ribossomais foi mantida durante a evolução da forma silvestre diplóide para a cultivada tetraplóide (FALISTOCCO, 2000). FISH também foi empregado para verificar a distribuição dos locos de rDNA em populações naturais de *M. truncatula* (FALISTOCCO; FALCINELLI, 2003), analisar o cariótipo da espécie (CERBAH et al., 1999), examinar híbridos somáticos envolvendo *M. sativa* (CLUSTER et al., 1996) e, juntamente com GISH (Genomic in situ Hybridization), para comparar espécies anuais.

A quantidade de DNA nuclear, determinada para poucas espécies do gênero, varia de 3,90 pg/2C em *M. glutinosa* a 0,95 pg/2C para *M. truncatula*. *M. sativa* ssp. *sativa* tem 3,45 pg/2C, quase o dobro de sua provável espécie ancestral *M. sativa* ssp. *coerulea* (1,80 pg/2C) (BENNET; LEITCH, 2004).

A citogenética é uma ferramenta muito importante no melhoramento de alfafa (DALL'AGNOL; SCHIFINO-WITTMANN, 2000), principalmente pela manipulação dos níveis de ploidia, explorando a poliploidização sexual via gametas não reduzidos (SCHIFINO-WITTMANN; DALL'AGNOL, 2001), já que formas, populações e genótipos de alfafa e outras espécies de *Medicago* frequentemente produzem esse tipo de gametas.

Gametas não reduzidos são resultado de um processo meiótico anormal, em que a redução do número cromossômico não ocorre. Essa falha na redução pode ocorrer na meiose I, pela restituição na primeira divisão (RPD), ou na meiose II, pela restituição na segunda divisão (RSD) (PELOQUIN, 1981). Em alfafa, o pólen 2n é formado por RPD (VORSA; BINGHAM, 1979; TAVOLETTI et al., 1991), controlado pelo gene recessivo *rp*, de expressão altamente dependente do ambiente (McCOY, 1982). A formação de

gametas femininos $2n$ ocorre por RSD (PFEIFFER; BINGHAM, 1983; McCOY; ROWE, 1986; TAVOLETTI et al., 1991).

Grãos de pólen “jumbo” ($4n$), formados por ausência de citocinese no final da meiose II, estão sob controle do gene recessivo *jp*, e híbridos entre *M. sativa* e *M. dzhawakhetica* ou *M. rupestris* foram recuperados em cruzamentos com plantas *jp* (McCOY; SMITH, 1983; PFEIFFER; BINGHAM, 1983). Mapeamentos, utilizando RAPD e AFLP, detectaram vários QTLs (Quantitative Trait Loci) associados com a produção de oosferas $2n$ na alfafa diplóide e sugeriram o envolvimento de, no mínimo, cinco genes (BARCACCIA et al., 2000).

Há vários trabalhos em alfafa, que exploram os níveis haplóide, triplóide, tetraplóide e mesmo superiores.

Tetraplóides produzidos por poliploidização sexual podem ter um desempenho melhor, em virtude das interações multialélicas, que são menores nos tetraplóides somáticos. Além disso, gametas não reduzidos permitem a introgressão de genes de espécies diplóides silvestres de *Medicago* para o conjunto gênico da alfafa tetraplóide (VERONESI et al., 1986; McCOY; BINGHAM, 1991; BARCACCIA et al., 1998).

Apesar de apresentarem uma certa diminuição na fertilidade (BARCACCIA et al., 1995; BARCACCIA et al., 1998), o que dificulta seu uso imediato em cultivo (BARCACCIA et al., 2003), os tetraplóides obtidos por poliploidização sexual em alfafa são em geral mais produtivos que os genitores diplóides, considerando diversos componentes de rendimento de forragem (McCOY; ROWE, 1986; BARCACCIA et al., 1995, 1998).

Haplóides são importantes para o desenvolvimento de alfafa cultivada no nível diplóide, ACND (CADL – cultivated alfalfa at the diploid level) (BINGHAM; McCOY, 1979). ACND é uma forma diplóide que se reproduz por sementes. Haplóides de *M. sativa* ssp. *sativa* (que têm o

mesmo número de cromossomos das espécies silvestres diplóides) podem ser cruzados, como genitores femininos, com *M. sativa* ssp. *falcata*, produzindo híbridos que combinam genes das formas cultivadas e das silvestres (McCOY; BINGHAM, 1991).

Triplóides de alfafa podem ser recuperados de cruzamentos $4x-2x$ e mesmo $2x-2x$. Apesar de serem, em sua maioria, macho-estéreis, a fertilidade feminina é suficiente para que os triplóides sejam utilizados como genitores femininos, o que permite a transferência gênica entre níveis de ploidia (BINEK; BINGHAM, 1970; BLAKE; BINGHAM, 1986; McCOY; BINGHAM, 1988).

Hexaplóides foram obtidos por poliploidização sexual em cruzamentos inter ou intraplóides. Alguns foram mais vigorosos do que a alfafa tetraplóide, instáveis quanto ao seu número cromossômico, mas com menor depressão endogâmica do que os diplóides (BINGHAM; BINEK, 1969; BINGHAM; SAUNDERS, 1974). Híbridos somáticos hexaplóides entre *M. sativa* ssp. *sativa* e *M. sativa* ssp. *coerulea* foram vegetativamente vigorosos e com produção de forragem comparável ao genitor mais produtivo (PUPILLI et al., 1995).

Embora com menor interesse, os outros níveis de ploidia, como penta (5x), hepta (7x) e octaplóide (8x), podem ser utilizados em pesquisas de cunho acadêmico e, eventualmente, servir como ponte entre níveis de ploidia (McCOY; BINGHAM, 1991).

Quanto aos aneuplóides, apenas trissômicos primários foram identificados na alfafa em nível diplóide, não havendo registro de monossômicos (McCOY; BINGHAM, 1988). A construção de uma série completa de trissômicos foi considerada por McCoy e Bingham (1988) como um projeto em longo prazo, e, até o momento, pouco progresso houve nessa área. A construção de trissômicos é mais viável nas formas diplóides do que na alfafa tetraplóide.

Barcaccia et al. (2003), em revisão sobre o uso de mutantes reprodutivos (formadores de gametas não reduzidos), sugeriram que, além das possibilidades de poliploidização sexual e transferência gênica entre níveis de ploidia, o melhor estudo desses mutantes, aliado a mapeamento utilizando RFLPS e marcadores com base em PCR (Polimerase Chain Reaction), poderia levar à identificação de mutantes apomíticos, abrindo, dessa forma, a possibilidade de introduzir a apomixia em alfafa.

História antiga e domesticação

A alfafa é a cultura forrageira mais antiga para a qual se tem um nome, mas a etimologia da palavra é discutível. Pode ter surgido de modificações do persa *aspo-asti* (comida de cavalo), do árabe *al-fasfasa* ou do cachemir *ashwa-bal* (ambos significando poder de cavalo). Há especulações de que o nome *lucerne*, usado na Europa para alfafa, derivou do persa *lājwārd* para lápis-lázuli, em referência à flor azulada de *M. sativa* (RUSSELLE, 2001), mas esse nome poderia refletir um cultivo antigo na região do lago Lucerne (LANGER, 1995). Também é conhecida por *medic*, nomeada de acordo com o geógrafo e historiador grego Strabo, em virtude do local de sua origem, no antigo império da Média. A raiz da palavra permanece até mesmo no seu nome científico, *Medicago* (RUSSELLE, 2001).

Seu uso pré-data a história registrada. Sementes de alfafas silvestres foram identificadas em extratos de cerca de 6000 a.C. no atual Irã. Em Abu Hureyra – uma comunidade agrícola muito antiga na Síria –, foram identificados restos de sementes muito pequenas de leguminosas de cerca de 10000 a.C. Sementes de *M. falcata* foram encontradas num sítio de cerca de 4000 a.C. no Paquistão e 3000 a.C. e 2000 a.C. no Afeganistão e Cachemira (RUSSELLE, 2001).

Desde o início da civilização ocidental, os agricultores reconheceram os méritos da planta, por ser considerada

um ótimo alimento animal, podendo ser utilizada na melhoria do solo, no aumento da produção de outras culturas, como alimento e como planta medicinal para o homem.

Os primeiros registros de sua utilização são encontrados nos tabletas de argila hititas, de cerca de 1300 a.C. (LANGER, 1995), relatando que os animais eram alimentados com alfafa durante o inverno e que era considerada um alimento nutritivo. Mais tarde (700 a.C.), foi incluída na lista de plantas de jardim de Merodoch-Baladan, um contemporâneo de Ezequias, rei da Judéia (RUSSELLE, 2001).

Pode-se dizer que a alfafa foi fundamental na expansão das civilizações conquistadoras, já que era o combustível para os cavalos. Como outras culturas, a alfafa viajou com o comércio e com os exércitos. Os hititas, conhecidos por seus carros puxados a cavalo, reinaram no Oriente Médio de 2400 a.C. a 1200 a.C. A alfafa chegou à Grécia com os medas, durante as Guerras Médicas comandadas por Dario (490 a.C.), e logo se estabeleceu na região, conforme os escritos de Aristófanes, de Aristóteles e de outros. Teofrasto (século 4 a.C.) relata que os gregos viram pela primeira vez as extensões verdes de alfafa quando o exército meda retirou-se, refletindo o cultivo da planta pelos invasores, para alimentar seus cavalos (LANGER, 1995; RUSSELLE, 2001).

Os romanos logo a adotaram e a tinham em alta estima, como registrado por Varro, Plínio, Columela e outros, e nos poemas de Virgílio. Registros de instruções detalhadas de plantio, manejo e fenação fornecem as evidências de que os romanos valorizavam altamente a alfafa por suas qualidades de produtividade, por seu valor nutritivo e por sua habilidade de melhorar o solo (LANGER, 1995; RUSSELLE, 2001).

Nos dois primeiros séculos d.C., a alfafa foi provavelmente distribuída pelo Império Romano. Após o colapso romano, a história da alfafa na Europa não é bem documentada. Depois do período romano, não há menção de alfafa até a metade do século 16, quando os espanhóis a levaram para

a França e para os Países Baixos (LANGER, 1995; RUSSELLE, 2001).

No século 2 a.C., o Caminho da Seda abriu-se à China. O imperador Wu-Ti enviou uma missão à Ásia Central para adquirir cavalos iranianos e, junto com os cavalos, a alfafa chegou à China (LANGER, 1995; RUSSELLE, 2001).

Os mouros provavelmente levaram-na para o norte da África e depois para a Espanha, quando a invadiram em 711, o que indica duas introduções diferentes (romana e moura) na Espanha.

Muller et al. (2003) analisaram RFLP de DNA mitocondrial em várias populações de *M. sativa*, silvestre e cultivada, da Europa, do Oriente Próximo e da Ásia Central. Os dados sugerem fortemente duas rotas independentes de disseminação da alfafa, a partir de seu centro de origem, e mostram que algumas populações selvagens poderiam ter contribuído para o pool gênico da cultivada.

História recente

A partir da Renascença, há novamente amplas referências à alfafa na Europa. No século 16, descrições de plantas com flores amarelas sugerem que essa forma seria a *M. sativa* ssp. *falcata*. Nos séculos 16 e 17, há registros de sua utilização na Itália, e Tarterllo recomenda a rotação de culturas incluindo alfafa. Em 1600, Olivier de Serres refere-se a um amplo cultivo da alfafa na Espanha e no sul da França. Em 1650, sementes foram importadas para a Inglaterra a partir da França. Em 1876, a alfafa já era recomendada para duplicar a produção de forragem nas fazendas inglesas (RUSSELLE, 2001).

No século 16, chegou ao Novo Mundo com os exploradores portugueses e espanhóis. Aparentemente, foi introduzida no Peru em 1534 por Cristobal Gago (RUSSELLE, 2001) e, posteriormente, espalhou-se para outros locais da América do Sul (LANGER, 1995). Segovia-Lerma et al. (2003)

verificaram, por meio de AFLP, que as populações peruanas por eles analisadas eram mais semelhantes às introduções originais espanholas na América do Sul do que as chilenas.

Apenas no século 18, a alfafa cruzou os Andes rumo à Argentina, onde se adaptou muito bem e, rapidamente, tornou-se um componente crucial de pastagens melhoradas (RUSSELLE, 2001).

Do México, foi levada por missionários para o sul dos Estados Unidos e, no século 19, foi intensamente introduzida na Califórnia (chamada de trevo-chileno), onde se estabeleceu bem, embora seu uso no norte dos Estados Unidos dependesse da introdução de material tolerante ao frio. Lotes de sementes, provavelmente da *ssp. x varia*, foram trazidos aos Estados Unidos, entre eles um lote de alfafa híbrida levada a Minnesota por Wedelin Grimm, colono alemão, o que deu origem a uma importante cultivar que leva seu nome (LANGER, 1995).

Por volta de 1800, chegou à Nova Zelândia, vinda provavelmente da Europa ou da Argentina. Acredita-se que ocorreram várias introduções na Nova Zelândia, o que explica a natureza híbrida de algumas cultivares iniciais, como a Marlborough. Na Austrália, foi introduzida na mesma época, e a Hunter River, derivada da linhagem francesa Provence (mas também com outros componentes), tornou-se a mais importante das cultivares iniciais. Na metade de 1800, a alfafa foi da França para a África do Sul, inicialmente usada em ranchos de avestruz. Atualmente, a área cultivada é em torno de 304 mil hectares, sendo relatados stands de até 80 anos (LANGER, 1995; RUSSELLE, 2001).

Melhoramento

A história recente da alfafa tem sido dominada principalmente por tentativas de reduzir os efeitos de pestes e doenças na produtividade e persistência (LANGER, 1995).

Uma ampla variedade de organismos patogênicos (fungos, bactérias, vírus, nematóides e insetos) causa doenças sérias, como *murcha*, *antracnose*, *ferrugens*, *leaf spots*. Outros organismos, como lagartas, afídios e coleópteros, podem diminuir a produtividade e persistência da alfafa. A resistência a doenças e pestes tem sido o principal objetivo dos melhoristas, não só para manter a produtividade como também para diminuir o custo do controle químico e da poluição ambiental. Muito sucesso foi obtido no melhoramento de cultivares resistentes, as quais mantêm a produção, a digestibilidade e outras características importantes. Outros objetivos incluem melhora da adaptação geográfica, tolerância ao frio, qualidade e produção de feno, silagem e farinha de alfafa e persistência sob pastejo (LANGER, 1995).

Os programas de melhoramento comercial, em geral, visam a características de mercado, mas caracteres agronômicos maiores, como produção de biomassa e tolerância ao frio, são muito importantes. Em resposta à temperatura e ao fotoperíodo, a alfafa (nos locais em que há invernos rigorosos) se aclimata para o inverno com alteração de algumas características, como altura e produção de biomassa. As plantas não dormentes têm pouca ou nenhuma aclimatação, mas produzem mais no outono do que as dormentes. A relação negativa entre produção de biomassa e tolerância ao inverno complica o melhoramento simultâneo das duas características (BRUMMER, 2004).

O melhoramento de alfafa pode ser auxiliado pela citogenética (como apresentado anteriormente), por meio de técnicas biotecnológicas e de marcadores bioquímicos e moleculares.

A cultura de tecidos e de regeneração de plantas em alfafa tem sido bastante empregada, com objetivos básicos e aplicados, tais como micropropagação, manipulação da embriogênese somática, utilização da variação somaclonal, estratégias de seleção *in vitro*, fusão de protoplastos,

híbridos somáticos interespecíficos, sementes sintéticas e desenvolvimento de transgênicos, (BINGHAM et al., 1988; REDENBAUGH et al., 1986; FINSTAD et al., 1993; PICCIONI et al., 1996; NENZ et al., 1996; STANDARDI; PICCIONI, 1998; PUPILLI et al., 1995, 2001; MOLTRASIO et al., 2004).

Isoenzimas têm sido utilizadas em estudos de determinação de herança e na caracterização de espécies e formas de *Medicago* (QUIROS; MORGAN, 1981; QUIROS, 1982, 1983; SMALL et al., 1992, 1999; CORTS; MARTINEZ, 2000).

Além de auxiliarem no estabelecimento de relações filogenéticas em espécies anuais (BRUMMER et al., 1995; MARIANI et al., 1996; BENA et al., 1998) e perenes de *Medicago* (CAMPBELL; BAUCHAN, 2002), os marcadores moleculares de DNA também vêm sendo extensivamente utilizados para, por exemplo, verificar a variabilidade dentro de populações, ecotipos e cultivares de alfafa (CROCHEMORE et al., 1998; MUSIAL et al., 2002; BRUMMER et al., 1991; PUPILLI et al., 2000), a diferenciação de populações e cultivares de origem diversa (DENGHAN-SHOAR et al., 1997; MENGONI et al., 2000) e a identificação de híbridos somáticos (PUPILLI et al., 1995, 2001; NENZ et al., 1996).

A identificação de QTLs ligados a características de interesse também vem sendo feita. Por exemplo, Tavoletti et al. (2000) usaram RFLP para identificar QTLs relacionados com o gene *jp* (*jumbo pollen*). Uma das características que vêm sendo buscadas no melhoramento de alfafa é a tolerância ao alumínio. Sledge et al. (2002) utilizaram RFLPs para identificar QTLs para tolerância ao alumínio na diplóide *M. sativa* ssp. *coerulea* com o objetivo de serem usados para transferir a tolerância para alfafa tetraplóide cultivada. Sledge et al. (2005a) verificaram variação para tolerância a alumínio em *M. truncatula*, indicando a possibilidade de utilização dessa espécie no melhoramento da alfafa cultivada.

A transgenia vem sendo utilizada no melhoramento de alfafa, na tentativa de introduzir características desejáveis por transformação genética. Austin et al. (1994) comentaram

sobre as possibilidades e o potencial de transformar a alfafa para produção de enzimas industriais importantes, como alfa-amilase e lignina-peroxidase dependente de manganês. As plantas cresceriam no campo, e as enzimas seriam extraídas delas.

A alfafa cultivada não é facilmente transformável. A transformação via *Agrobacterium* é a mais bem-sucedida (DESGAGNÉS et al., 1995; NINKÓVI et al., 1995).

Os resultados com a transgenia em alfafa são relativamente promissores, tanto para resistência a estresses ambientais e a doenças, como para síntese de substâncias desejáveis. Micallef et al. (1995) mencionaram a possibilidade de melhorar a alfafa transgênica por retrocruzamentos.

Plantas transgênicas de alfafa, superexpressando a Mn-superóxido dismutase, sobreviveram melhor ao inverno, muitas possuíam taxas de produção maiores (McKERSIE et al., 1993) e tenderam a apresentar menor dano causado por estresse de déficit hídrico e melhor sobrevivência após três anos do que as não transgênicas (McKERSIE et al., 1996).

Rosellini et al. (2001) obtiveram plantas de alfafa transformadas com o gene *barnase*, que expressaram modificações celulares indicativas de macho-esterilidade, sinalizando a possibilidade de utilizar esse tipo de mutantes para criar plantas macho-estéreis e cultivares híbridos altamente heteróticos.

Na alfafa transgênica expressando alfa-amilase e lignina-peroxidase-dependente-de-manganês, as plantas produzindo alfa amilase não mostraram alteração de fenótipo nem decréscimo da produção de matéria seca, mas a produção de peroxidase-dependente-de-manganês, em geral, afetou o crescimento e o desenvolvimento das plantas (AUSTIN et al., 1995).

Tabé et al. (1995) tentaram melhorar o valor nutritivo da alfafa introduzindo genes que aumentassem a produção de aminoácidos ricos em enxofre (metionina e cisteína),

os quais são limitantes para o crescimento da lã em ovinos. O aumento da produção da proteína pelas plantas transgênicas não foi suficiente para suprir a quantidade mínima diária de aminoácidos sulfurosos.

Hipskind e Paiva (2000) transformaram alfafa para síntese de resveratrol-sintase. As plantas transgênicas acumularam um novo composto identificado como trans-resveratrol, que inibiu o crescimento do fungo *Phoma medicaginis*, que ataca as plantas e se alastra no campo em virtude da esporulação do patógeno.

Avraham et al. (2005), para aumentar o nível de metionina e a qualidade nutricional de alfafa, produziram transgênicos expressando o gene para cistationina sintase, a enzima que controla o primeiro metabólito intermediário na síntese de metionina.

Considerando a facilidade de fluxo gênico dentro e entre a alfafa cultivada e seus parentes silvestres, há necessidade de uma avaliação criteriosa da dispersão do pólen quando do plantio de plantas transgênicas.

Amand et al. (2000), utilizando RAPD, observaram movimento de pólen de até 34 m dentro dos campos e de 1.000 m entre campos e fluxo gênico de até 230 m, e sugeriram que uma distância mínima de 1.577 m pode ser necessária para evitar o fluxo gênico em alfafa.

A elaboração de um mapa genético da alfafa tem sido um objetivo dos pesquisadores há algum tempo e, nesse sentido, os marcadores moleculares vêm contribuindo bastante tanto para mapeamento nas formas diplóides, o que é mais fácil, como nas tetraplóides.

Mapas de ligação nas formas diplóides do complexo *sativa* vêm sendo realizados por RAPD e RFLP (ECHT et al., 1994), AFLP (BARCACCIA et al., 1999) e SSR (DIWAN et al., 2000). Também no nível tetraplóide foram feitos alguns trabalhos de mapeamento. Brower e Osborn (1999), utilizando RFLPs, verificaram que a ordem dos locos no

mapa estava, em geral, de acordo com aquela encontrada na alfafa diplóide. Julier et al. (2003), com AFLP e SSR, verificaram uma alta colinearidade entre os genomas de *M. sativa* e *M. truncatula*. Musial et al. (2005) construíram um mapa de ligação para a alfafa adaptada ao norte da Austrália, com RAPD, AFLP e SSR, e identificaram dois QTLs associados com resistência a *Phytophthora medicaginis*. Ma et al. (2002) desenvolveram método estatístico para mapear QTLs na alfafa tetraplóide. Sledge et al. (2005b) utilizaram marcadores SSR (Simple Sequence Repeat) derivados basicamente de ESTs (Expressed Sequence Tags) e BACS (Bacterial Artificial Chromosomes) de *M. truncatula*, detectando oito grupos de ligação, num mapa total de 624 cM.

M. truncatula (*barrel medic*), $2n=2x=16$, é um organismo modelo e uma boa forrageira com qualidade comparável à da alfafa, importante na Austrália, onde é um componente integral do sistema de alternância cereais-pastagens. Possui várias características interessantes que a tornam um modelo adequado para estudar a biologia das leguminosas: é diplóide, de autofecundação, com genoma pequeno (500–600 Mbp/1c), tempo curto de geração, alta diversidade, várias cultivares disponíveis, além de existirem coleções de mutantes, bibliotecas de BACs, bibliotecas de cDNA e métodos eficientes para sua transformação. Seu genoma e o da alfafa são similares (CHOI et al., 2004) e ela poderia ser utilizada como uma fonte de genes para *M. sativa* (FRUGOLI; HARRIS, 2001, THOQUET et al., 2002; SLEDGE et al., 2005b).

Um consórcio internacional para seqüenciar o espaço gênico eucromático de *M. truncatula* foi iniciado na Universidade de Oklahoma em 2001 e conta com o apoio de recursos de bioinformática e bases de dados. A estratégia de seqüenciamento baseia-se em BACS ancorados por marcadores (*marker-anchored* Bacterial Artificial Chromosomes) e processo de anotação automática. Quatro centros mundiais nos Estados Unidos e na Europa coordenam o projeto (CANNON et al., 2005). Um mapa

citogenético molecular foi construído com base em um cariógrama no paquíteno corado com DAPI e a posição de seqüências repetitivas 5S rDNA, 45SrDNA e NMtR1. A correlação entre os grupos genéticos de ligação e os cromossomos foi feita por mapeamento por FISH de clones BAC. O estabelecimento dessa metodologia, já que os cromossomos em paquíteno são maiores e permitem uma resolução melhor, criou a base para a integração dos mapas moleculares, genéticos e citogenéticos na espécie (KULIKOVA et al., 2001). A Medicago Genome Initiative (BELL et al., 2001) pretende reunir uma base de dados de EST de *M. truncatula* disponível ao público.

Em outubro de 2005, mais de 50 % do processo de seqüenciamento estavam concluídos, em torno de 160 Mpb, com predição de 25 mil genes (TOWN, 2006). O mapa de *M. truncatula*, havendo principalmente integração dos mapas moleculares, genéticos e citogenéticos, irá contribuir para o melhoramento da alfafa cultivada e poderá também ser utilizado para comparação com outras espécies de *Medicago* e demais leguminosas (PATERSON et al., 2000), incluindo estudos de colinearidade.

Perspectivas

Além do melhoramento clássico, a genômica pode ser útil para o melhoramento de alfafa, por meio da seleção assistida por QTL, captura de heterose, assim como na pesquisa básica com *M. truncatula* e na manipulação de características monogênicas por biotecnologia.

Brummer (2004) discute claramente esses aspectos. Segundo ele, muitos dos objetivos essenciais do melhoramento podem continuar sendo atingidos com os métodos tradicionais. A ênfase comercial no uso da genômica será para características com vantagem de mercado, mas deve haver esforços para melhorar características complexas fundamentalmente importantes,

como tolerância ao frio e produção de biomassa. Para melhoramento em longo prazo, a pesquisa deverá ser fixada em: a) construir um panorama abrangente dos recursos genéticos silvestres e cultivados; b) desenvolver processos para encurtar o ciclo e aumentar as herdabilidades; c) desenvolver cultivares alternativas que utilizem o potencial genético dentro dos grupos de germoplasma e entre eles; d) facilitar a criação e manutenção de variação genética para características quantitativas maiores em populações diversas. O uso de métodos genômicos para caracterizar germoplasma exótico, dissecar características quantitativas e identificar possíveis locos poderia resolver esses problemas. A incorporação das técnicas genômicas no processo de melhoramento será um desafio, mas muitos desses problemas podem ser superados com esforço. O autor também chama a atenção para o que denomina paradoxo da era da genômica: a diminuição de recursos para os programas de melhoramento pode levar a altíssimos investimentos em soluções de alta tecnologia; no entanto, tais investimentos correm o risco de não serem aplicados para o desenvolvimento de novas cultivares. Sem programas efetivos e ativos de melhoramento, a genômica fica impossibilitada de contribuir efetivamente para os ganhos genéticos de características importantes tanto na alfafa quanto em outras culturas.

Referências

- AMAND, P. C. S.; SKINNER, D. Z.; PEADEN, R. N. Risk of alfalfa transgene dissemination and scale-dependent effects. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 101, p. 107-114, 2000.
- ARMSTRONG, K. C. Chromosome associations at pachytene and metaphase in *Medicago sativa*. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 13, p. 697-702, 1971.
- AUSTIN, S.; BINGHAM, E. T.; KOEGEL, R. G.; MATHEWS, D. E.; SHAHN, M. N.; STRAUB, R. J.; BURGESS, R. R. An overview of a feasibility study for the production of industrial enzymes in transgenic alfalfa. **Annals of the New York Academy of Sciences**, New York, v. 721, p. 234-344, 1994.
- AUSTIN, S.; BINGHAM, E. T.; MATHEWS, D. E.; SHAHAN, M. N.; WILL, J.; BURGESS, R. R. Production and field performance of transgenic alfalfa (*Medicago sativa* L.) expressing alpha-amylase and manganese-dependent lignin peroxidase. **Euphytica**, Wageningen, v. 85, p. 381-193, 1995.

- AVRAHAM, T.; BADANI, H.; GALILI, S.; AMIR, R. Enhanced levels of methionine and cysteine in transgenic alfalfa (*Medicago sativa* L.) plants over-expressing the Arabidopsis cystathionine γ -synthase gene. **Plant Biotechnology Journal**, London, v. 3, p. 71-79, 2005.
- BARCACCIA, G.; ALBERTINI, E.; ROSELINI, S.; TAVOLETTI, S.; VERONESI, F. Inheritance and mapping of 2n-egg production in diploid alfalfa. **Genome**, Ottawa, v. 43, p. 528-537, 2000.
- BARCACCIA, G.; ALBERTINI, E.; TAVOLETTI, S.; FALCINELLI, M.; VERONESI, F. AFLP fingerprinting in *Medicago* spp.: its development and application in linkage mapping. **Plant Breeding**, Berlin, v. 118, p. 335-340, 1999.
- BARCACCIA, G.; ROSELLINI, D.; FALCINELLI, M.; VERONESI, F. Reproductive behaviour of tetraploid alfalfa plants obtained by unilateral and bilateral sexual polyploidization. **Euphytica**, Wageningen, v. 99, p. 199-203, 1998.
- BARCACCIA, G.; TAVOLETTI, S.; MARIANI, A.; VERONESI, F. Occurrence, inheritance and use of reproductive mutants in alfalfa. **Euphytica**, Wageningen, v. 133, p. 37-56, 2003.
- BARCACCIA, G.; TOSTI, N.; FALISTOCCO, E.; VERONESI, F. Cytological, morphological and molecular analyses of controlled progenies from meiotic mutants of alfalfa producing unreduced gametes. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 91, p. 1.008-1.015, 1995.
- BARNES, D. K.; SHEAFFER, C. C. Alfalfa. In: HEATH, M. E.; BARNES, R. F.; METCALFE, D. S. (Ed.). **Forages**. Ames: Iowa State University Press, 1985. p. 89-98.
- BAUCHAN, G. R.; CAMPBELL, T. A. Use of an image analysis system to karyotype diploid alfalfa. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 85, p. 18-22, 1994.
- BAUCHAN, G. R.; CAMPBELL, T. A.; HOSSAIN, M. A. Chromosomal polymorphism as detected by C-banding patterns in Chilean alfalfa germplasm. **Crop Science**, Madison, v. 42, p. 1.291-1.297, 2002.
- BAUCHAN, G. R.; CAMPBELL, T. A.; HOSSAIN, M. A. Comparative chromosome banding studies of non-dormant alfalfa germplasm. **Crop Science**, Madison, v. 43, p. 2.037-2.042, 2003.
- BAUCHAN, G. R.; HOSSAIN, M. A. Distribution and characterization of heterochromatic DNA in the tetraploid African population alfalfa genome. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 1.921-1.926, 2001.
- BAUCHAN, G. R.; HOSSAIN, M. A. Karyotypic analysis of C-banded chromosomes of diploid alfalfa: *Medicago sativa* ssp. *caerulea* and ssp. *falcata* and their hybrid. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 88, p. 533-537, 1997.
- BAUCHAN, G. R.; HOSSAIN, M. A. Karyotypic analysis of N-banded chromosomes of diploid alfalfa: *Medicago sativa* ssp. *caerulea* and ssp. *falcata* and their hybrid. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 89, p. 191-193, 1998.
- BELL, C. J.; DIXON, R. A.; FARMER, A. D.; FLORES, R.; INMAN, J.; GONZALES, R. A.; HARRISON, M. J.; PAIVA, N. L.; SCOTT, A. D.; WELLER, J. W.; MAY, G. D. The *Medicago* genome initiative: a model legume database. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 29, p. 114-117, 2001.
- BENA, G.; PROSPERI, J. M.; LEJEUNE, B.; OLOVIERI, I. Evolution of annual species of the genus *Medicago*: a molecular phylogenetic approach. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, London, v. 9, p. 552-559, 1998.
- BENNET, M. D.; LEITCH, I. J. **Angiosperm DNA C-values database, 2004**. Disponível em: <<http://www.rbgekew.org.uk/cval/homepage.html>>. Acesso em: 15 mar. 2006.
- BINEK, A.; BINGHAM, E. T. Cytology and crossing behavior of triploid alfalfa. **Crop Science**, Madison, v. 10, p. 303-306, 1970.

- BINGHAM, E. T.; BINEK, A. Hexaploid alfalfa, *Medicago sativa* L. origin, fertility and cytology. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 11, p. 359-366, 1969.
- BINGHAM, E. T.; GILLIES, C. B. Chromosome pairing, fertility, and crossing behavior of haploid of tetraploid alfalfa. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 13, p. 195-202, 1971.
- BINGHAM, E. T.; McCOY, T. J. Cultivated alfalfa at the diploid level: origin, reproductive stability and yield of seed and forage. **Crop Science**, Madison, v. 19, p. 97-100, 1979.
- BINGHAM, E. T.; McCOY, T. J.; WALKER, K. A. Alfalfa tissue culture. In: HANSON, A. A.; BARNES, D. K.; HILL, R. R. (Ed.). **Alfalfa and alfalfa improvement**. Madison: American Society of Agronomy, 1988. p. 903-929.
- BINGHAM, E. T.; SAUNDERS, J. W. Chromosome manipulations in alfalfa: scaling the cultivated tetraploid to seven ploidy levels. **Crop Science**, Madison, v. 14, p. 474-477, 1974.
- BLAKE, N. K.; BINGHAM, E. T. Alfalfa triploids with functional male and female fertility. **Crop Science**, Madison, v. 26, p. 643-645, 1986.
- BROWER, D. J.; OSBORN, T. C. A molecular marker linkage map of tetraploid alfalfa (*Medicago sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 99, p. 1.194-1.200, 1999.
- BRUMMER, E. C. Applying genomic to alfalfa breeding programs. **Crop Science**, Madison, v. 44, p. 1.904-1.908, 2004.
- BRUMMER, E. C.; BOUTON, J. H.; KOCHERT, G. Analysis of annual *Medicago* species using RAPD markers. **Genome**, Ottawa, v. 38, p. 362-267, 1995.
- BRUMMER, E. C.; KOCHERT, G.; BOUTON, J. H. RFLP variation in diploid and tetraploid alfalfa. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 83, p. 89-96, 1991.
- CALDERINI, O.; PUPILLI, F.; CLUSTER, P. D.; MARIANI, A.; ARCIONI, S. Cytological studies of the nucleolus organizing regions in the *Medicago* complex: *sativa-coerulea-falcata*. **Genome**, Ottawa, v. 39, p. 914-920, 1996.
- CAMPBELL, T. A.; BAUCHAN, G. R. Organelle based molecular analyses of the genetic relatedness of cultivated alfalfa (*Medicago sativa* L.) to *Medicago edgeworthii* Sirjaev, and *Medicago ruthenica* (L.) Ledebour. **Euphytica**, Wageningen, v. 125, p. 51-58, 2002.
- CANNON, S. B.; CROW, J. A.; HEUER, M. L.; WANG, X.; CANNON, E. K. S.; DWAN, C.; LAMBLIN, A. F.; VASDEWANI, J.; MUDGE, J.; COOK, A.; GISH, J.; CHEUNG, F.; KENTON, S.; KUNAU, T. M.; BROWN, D.; MAY, G. D.; KIM, D.; COOK, D. R.; ROE, B. A.; TOWN, C. D.; YOUNG, N. D.; RETZEL, E. F. Databases and information integration for the *Medicago truncatula* genome and transcriptome. **Plant Physiology**, Rockville, v. 138, p. 38-46, 2005.
- CERBAH, M.; KEVEL, Z.; SILJAK-YAKOKLEV, S.; KONDOROSI, E.; KONDOROSI, A.; TRINH, T. H. FISH chromosome mapping allowing karyotype analysis in *Medicago truncatula* lines Jemalong J5 and R-108-1. **Molecular Plant Microbe Interactions**, Washington, v. 12, p. 947-950, 1999.
- CHOI, H. K.; KIM, D.; UHM, T.; LIMPENS, E.; LIM, H.; MUN, J. H.; KALO, P.; PENMETS, R. V.; SERES, A.; KULIKOVA, O.; ROE, B. A.; BISSELING, T.; KISS, G. B.; COOK, D. R. A sequence-based genetic map of *Medicago truncatula* and comparison of marker colinearity with *M. sativa*. **Genetics**, Bethesda, v. 166, p. 1.463-1.502, 2004.
- CLUSTER, P. D.; CALDERINI, O.; PUPILLI, F.; CREA, F.; DAMIANI, F.; ARCIONI, S. The fate of ribosomal genes in three interspecific somatic hybrids of *Medicago sativa*: three different outcomes including the rapid amplification of new spacer-length variants. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 93, p. 801-808, 1996.

- CORTS, M. R. M.; MARTINEZ, M. C. M. Variation of PGM and IDH isozymes for identification of alfalfa varieties. **Euphytica**, Wageningen, v. 112, p. 137-143, 2000.
- CROCHEMORE, M. L.; HUYGHE, C.; ÉCALLE, C.; JULIER, B. Structuration of alfalfa genetic diversity using agronomic and morphological characteristics: relationship with RAPD markers. **Agronomie**, Les Ulis, v. 18, p. 79-94, 1998.
- DALL'AGNOL, M.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T. Citogenética no melhoramento de alfalfa (*Medicago sativa* L.). **Revista Científica Rural**, Bagé, v. 5, p. 122-133, 2000.
- DEHGHAN-SHOAR, M.; HAMPTON, J. G.; GARDINER, S. E. Genetic analysis among and within populations forming ecotypes and cultivars of lucerne, *Medicago sativa* (Leguminosae), using RAPD fragments. **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 208, p. 107-119, 1997.
- DESGAGNÉS, R.; LABERGE, S.; ALLARD, G.; KHOUDI, H.; CASTONGUAY, Y.; LAPOINTE, J.; MICHAUD, R.; VÉZINA, L. P. Genetic transformation of commercial breeding lines of alfalfa (*Medicago sativa*). **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, Dordrecht, v. 42, p. 129-140, 1995.
- DIWAN, N.; BOUTON, J. H.; KOCHERT, G.; CREGAN, P. B. Mapping of simple sequence repeat (SSR) DNA markers in diploid and tetraploid alfalfa. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 101, p. 165-172, 2000.
- ECHT, C. S.; KIDWELL, K. K.; KNAPP, S. J.; OSBORN, T. C.; McCOY, T. J. Linkage mapping in diploid alfalfa (*Medicago sativa*). **Genome**, Ottawa, v. 37, p. 61-71, 1994.
- FALISTOCCO, E. Physical mapping of rRNA genes in *Medicago sativa* and *M. glomerata* by fluorescent in situ hybridization. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 91, p. 256-260, 2000.
- FALISTOCCO, E.; FALCINELLI, M. Genomic organization of rDNA loci in natural populations of *Medicago truncatula* Gaertn. **Hereditas**, Lund, v. 138, p. 1-5, 2003.
- FALISTOCCO, E.; FALCINELLI, M. Karyotype and C-banding in *Medicago noëana* Boiss., Leguminosae. **Cytologia**, Tokyo, v. 58, p. 151-154, 1993.
- FALISTOCCO, E.; TORRICELLI, R.; FALCINELLI, M. Genomic relationships between *Medicago murex* Willd. and *Medicago lesinsii* E. Small. investigated by in situ hybridization. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 105, p. 829-833, 2002.
- FINSTAD, K.; BROWN, D. C. W.; JOY, K. Characterization of competence during induction of somatic embryogenesis in alfalfa tissue culture. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, Dordrecht, v. 34, p. 125-132, 1993.
- FRUGOLI, J.; HARRIS, J. *Medicago truncatula* on the move. **Plant Cell**, Rockville, v. 13, p. 458-463, 2001.
- GILLIES, C. B. Alfalfa chromosomes. I. Pachytene karyotype of a diploid *Medicago falcate* L. and its relationship to *M. sativa* L. **Crop Science**, Madison, v. 10, p. 169-171, 1970a.
- GILLIES, C. B. Alfalfa chromosomes. II. Pachytene karyotype of a tetraploid *Medicago sativa* L. **Crop Science**, Madison, v. 10, p. 172-175, 1970b.
- HISPKIND, J. D.; PAIVA, N. Constitutive accumulation of a resveratrol-glucoside in transgenic alfalfa increases resistance to *Phoma medicaginis*. **Molecular Plant Microbe Interactions**, Washington, v. 13, p. 551-562, 2000.
- HOSSAIN, M. A.; BAUCHAN, G. R. Identification of B chromosomes using Giemsa banding in *Medicago*. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 90, p. 428-429, 1999.

- JENCZEWSKI, E.; PROSPERI, J. M.; RONFORT, J. Differentiation between natural and cultivated populations of *Medicago sativa* (Leguminosae) from Spain: analysis with random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers and comparison to allozymes. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 8, p. 1.317-1.330, 1999b.
- JENCZEWSKI, E.; PROSPERI, J. M.; RONFORT, J. Evidence for gene flow between wild and cultivated *Medicago sativa* (Leguminosae) based on allozyme markers and quantitative traits. **American Journal of Botany**, St. Louis, v. 86, p. 677-687, 1999a.
- JULIER, B.; FLAJOULOT, S.; BARRE, P.; CARDINET, G.; SANTONI, S.; HUGUET, T.; HUYGHE, C. Construction of two genetic linkage maps in cultivated tetraploid alfalfa (*Medicago sativa*) using microsatellite and AFLP markers. **BMC Plant Biology**, London, v. 3, p. 9-27, 2003.
- KULIKOVA, O.; GULATIERI, G.; GEURTS, R.; KIM, D. J.; COOK, D.; HUGUET, T.; DE JONG, J. H.; FRANSZ, P. F.; BISSELING, T. Integration of the FISH pachytene and genetic maps of *Medicago truncatula*. **The Plant Journal**, Oxford, v. 27, p. 49-58, 2001.
- LANGER, A. M. Alfalfa, lucerne. In : SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. (Ed.). **Evolution of crop plants**. Harlow: Longman, 1995. p. 283-286.
- LESINS, K. Cytogenetic study on a tetraploid plant at the diploid chromosome level. **Canadian Journal of Botany**, Ottawa, v. 35, p. 181-190, 1957.
- LESINS, K.; GILLIES, K. Taxonomy and cytogenetics of *Medicago*. In: HANSON, C. H. (Ed.). **Alfalfa science and technology**, Madison: American Society of Agronomy, 1972. p. 53-86.
- MA, C. X.; CASELLA, G.; SHEN, Z. J.; OSBORN, T. C.; WU, R. A unified framework for mapping quantitative trait loci in bivalent tetraploids using single-dose restriction fragments: a case study from alfalfa. **Genome Research**, Woodbury, v. 12, p. 1.974-1.981, 2002.
- MARIANI, A.; FALISTOCCO, E. Chromosome studies in 2n=14 and 2n=16 types of *M. murex*. **Genome**, Ottawa, v. 33, p. 159-163, 1990.
- MARIANI, A.; FALISTOCCO, E. Cytogenetic analysis of *Medicago rugosa* and *Medicago scutellata*. **Journal of Genetics and Breeding**, Rome, v. 45, p. 111-116, 1991.
- MARIANI, A.; ARCIONI, S.; VERONESI, F. Cytological analysis and electrophoretic patterns of seed proteins in *Medicago sativa*, *Medicago glutinosa* and their hybrids. **Genetica Agraria**, Firenze, v. 32, p. 21-39, 1978.
- MARIANI, A.; PUPILLI, F.; CALDERINI, O. Cytological and molecular analysis of annual species of the genus *Medicago*. **Canadian Journal of Botany**, Ottawa, v. 74, p. 299-307, 1996.
- MASOUD, S. A.; GILL, B. S.; JOHNSON, L. B. C-banding of alfalfa chromosomes : standard karyotype and analysis of a somaclonal variant. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 82, p. 335-338, 1991.
- McCOY, T. J. The inheritance of 2n pollen formation in diploid alfalfa *Medicago sativa*. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 24, p. 315-323, 1982.
- McCOY, T. J.; BINGHAM, E. T. Alfalfa cytogenetics. In: TSUCHIYA, T.; GUPTA, P. K. (Ed.). **Chromosome engineering in plants: genetics, breeding, evolution**. Amsterdam: Elsevier, 1991. p. 399-418.
- McCOY, T. J.; BINGHAM, E. T. Cytology and cytogenetics of alfalfa. In: HANSON, A. A.; BARNES, D. K.; HILL, R. R. (Ed.). **Alfalfa and alfalfa improvement**. Madison: American Society of Agronomy, 1988. p. 737-776.
- McCOY, T. J.; ROWE, D. E. Single cross alfalfa (*Medicago sativa* L.) hybrids produced via 2n gametes and somatic chromosome doubling: experimental and theoretical comparisons. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 72, p. 80-83, 1986.

- McCOY, T. J.; SMITH, L. Y. Genetics, cytology, and crossing behavior of an alfalfa (*Medicago sativa*) mutant resulting in failure of the post-meiotic cytokinesis. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 25, p. 390-397, 1983.
- McKERSIE, B. D.; BOWLEY, S. R.; HARJANTO, E.; LEPRINCE, O. Water-deficit tolerance and field performance of transgenic alfalfa overexpressing superoxide dismutase. **Plant Physiology**, Rockville, v. 111, p. 1.177-1.181, 1996.
- McKERSIE, B. D.; CHEN, Y.; BOYS, M. de; BOWLEY, S. R.; BOWLER, C.; INZÉ, D.; D'HALLUIN, K.; BOTTERMANN, K. Superoxide dismutase enhances tolerance of freezing stress in transgenic alfalfa (*Medicago sativa* L.). **Plant Physiology**, Rockville, v. 103, p. 1.155-1.163, 1993.
- MENGGONI, A.; RUGGINI, C.; VENDRAMIN, G. G.; BAZZICALUPO, M. Chloroplast microsatellite variations in tetraploid alfalfa. **Plant Breeding**, Berlin, v. 119, p. 509-512, 2000.
- MICALEFF, M. C.; AUSTIN, S.; BINGHAM, E. T. Improvement of transgenic alfalfa by backcrossing. **In Vitro Cellular & Developmental Biology-Plant**, Largo, v. 31, p. 187-192, 1995.
- MOLTRASIO, R.; ROBREDO, C. G.; GÓMEZ, M. C.; PALEO, A. H. D.; DIAZ, D. G.; RIOS, R. D.; FRANZONE, P. M. Alfalfa (*Medicago sativa* L.) somatic embryogenesis: genetic control and introduction of favourable alleles in elite Argentinian germplasm. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, Dordrecht, v. 77, p. 119-124, 2004.
- MULLER, M. H.; PROSPERI, J. M.; SANTONI, S.; RONFORT, J. How mitochondrial DNA diversity can help to understand the dynamics of wild-cultivated complexes: the case of *Medicago sativa* in Spain. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 10, p. 2.753-2.763, 2001.
- MULLER, M. H.; PROSPERI, J. M.; SANTONI, S.; RONFORT, J. Inferences from mitochondrial DNA patterns on the domestication history of alfalfa (*Medicago sativa*). **Molecular Ecology**, Oxford, v. 12, p. 2.187-2.199, 2003.
- MUSIAL, J. M.; AITKEN, K. S.; MACKIE, J. M.; IRWINN, A. G. A genetic linkage map in autotetraploid Lucerne adapted to northern Australia, and use of the map to identify DNA markers linked to resistance to *Phytophthora medicaginis*. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 56, p. 333-344, 2005.
- MUSIAL, J. M.; BASFORD, K. E.; IRWIN, J. A. G. Analysis of genetic diversity within Australian lucerne cultivars and implications for future genetic improvement. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 53, p. 629-636, 2002.
- NENZ, E.; PUPILLI, F.; DAMIANI, F.; ARCIONI, S. Somatic hybrid plants between the forage legumes *Medicago sativa* L. and *Medicago arborea* L. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 93, p. 183-189, 1996.
- NINKOVI, S.; MILJUS-DJUKIĆ, J.; NESCOVIĆ, M. Genetic transformation of alfalfa somatic embryos and their clonal propagation through repetitive somatic embryogenesis. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, Dordrecht, v. 42, p. 255-2.160, 1995.
- PATERSON, A. H.; BOWERS, J. E.; BUROW, M. D.; DRAYE, X.; ELSIK, C. G.; JIANG, C. X.; KATSAR, C. S.; LAN, T. H.; LIN, Y. R.; MING, R.; WRIGHT, R. J. Comparative genomics of plant chromosomes. **The Plant Cell**, Rockville, v. 12, p. 1.523-1.539, 2000.
- PELOQUIN, S. J. Chromosomal and cytoplasmic manipulations. In: FREY, K. J. (Ed.). **Plant breeding**. Ames: The Iowa State University Press, 1981. p. 117-150.
- PFEIFFER, T. W.; BINGHAM, E. T. Abnormal meiosis in alfalfa, *Medicago sativa*: cytology of 2n egg and 4n pollen formation. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 25, p. 107-112, 1983.
- PICCIONI, E.; ROSELLINI, D.; FALCINELLI, M.; STANDARDI, A. Micropropagation of mother plants of lucerne (*Medicago sativa* L.) for somatic embryogenesis. **Euphytica**, Wageningen, v. 89, p. 193-200, 1996.

- PROSPERI, J. M.; JENCZEWSKI, E.; ANGEVAIN, M.; RONFORT, J. Morphological and agronomical diversity of wild genetic resources of *Medicago sativa* L. collected in Spain. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Wageningen, v. 53, p. 843-856, 2006.
- PUPILLI, F.; BUSINELLI, S.; CACERES, M. E.; DAMIANI, F.; ARCIONI, S. Molecular, cytological and morpho-agronomical characterization of hexaploid somatic hybrids in *Medicago*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 90, p. 347-355, 1995.
- PUPILLI, F.; LABOMBARDA, P.; ARCIONI, S. New mitochondrial genome organization in three interspecific somatic hybrids of *Medicago sativa* including the parent-specific amplification of substoichiometric mitochondrial DNA units. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 103, p. 972-978, 2001.
- PUPILLI, F.; LABOMBARDA, P.; SCOTTI, C.; ARCIONI, S. RFLP analysis allows for the identifications of alfalfa ecotypes. **Plant Breeding**, Berlin, v. 119, p. 271-276, 2000.
- QUIROS, C. F. Alfalfa, luzerne (*Medicago sativa* L.). In: TANKSLEY, S. D.; ORTON, T. J. (Ed.). **Isozymes in plant genetics and breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1983, p. 253-294.
- QUIROS, C. F. Tetrasomic segregation for multiple alleles in alfalfa. **Genetics**, Bethesda, v. 101, p. 117-127, 1982.
- QUIROS, C. F.; BAUCHAN, G. R. The genus *Medicago* and the origin of the *Medicago sativa* complex. In: HANSON, A. A.; BARNES, D. K.; HILL, R. R. (Ed.). **Alfalfa and alfalfa improvement**. Madison: American Society of Agronomy, 1988. p. 93-124.
- QUIROS, C. F.; MORGAN, K. Peroxidase and leucine-aminopeptidase in diploid *Medicago* species closely related to alfalfa: multiple gene loci, multiple allelism and linkage. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 50, p. 221-228, 1981.
- RAMSEY, J.; SCHEMSKE, D. W. Neopolyploidy in flowering plants. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 33, p. 589-639, 2002.
- REDENBAUGH, K.; PAASCH, B. D.; NICHOL, J. W.; KOSSIER, M. E.; VISS, P. R.; WALKER, K. A. Somatic seeds: encapsulation of asexual plant embryos. **Bio/Technology**, New York, v. 4, p. 797-801, 1986.
- ROSELLINI, D.; PEZZOTTI, M.; VERONESI, F. Characterization of transgenic male sterility in alfalfa. **Euphytica**, Wageningen, v. 118, p. 313-319, 2001.
- RUSSELLE, M. P. Alfafa. **American Scientist**, v. 89, n. 3, p. 252, 2001. Disponível em: <<http://www.americanscientist.org/template/AssetDetail/assetid/14349?fulltext=true>>. Acesso em: 10 mar. 2006.
- SCHIFINO-WITTMANN, M. T.; DALL'AGNOL, M. Gametas não-reduzidos no melhoramento de plantas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 31, p. 169-175, 2001.
- SCHLARBAUM, S. E.; SMALL, E.; JONHSON, L. B. Karyotypic evolution, morphological variability and phylogeny in *Medicago* sect. *Intertextae*. **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 145, p. 203-222, 1984.
- SEGOVIA-LERMA, A.; CANTRELL, R. G.; CONWAY, J. M.; RAY, I. M. AFLP-based assessment of genetic diversity among nine alfalfa germplasms using bulk DNA templates. **Genome**, Ottawa, v. 46, p. 51-58, 2003.
- SLEDGE, M. K.; BOUTON, J. H.; DALL'AGNOL, M.; PARROTT, W. A.; KOCHERT, G. Identification and confirmation of aluminum tolerance QTL in diploid *Medicago sativa* subsp. *coerulea*. **Crop Science**, Madison, v. 42, p. 1.121-1.128, 2002.

SLEDGE, M. K.; PECHTER, P.; PAYTON, M. E. Aluminum tolerance in *Medicago truncatula* germplasm. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 2.001-2.005, 2005a.

SLEDGE, M. K.; RAY, I. M.; JIANG, G. An expressed sequence tag SSR map of tetraploid alfalfa (*Medicago sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 111, p. 980-992, 2005b.

SMALL, E.; WARWICK, S. I.; BROOKES, B. Allozyme variation in relation to morphology and taxonomy in *Medicago* sect. *Spirocarpos* subsect. *Intertextae* (Fabaceae). **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 214, p. 29-47, 1999.

SMALL, E.; WARWICK, S. I.; BROOKES, B. Isozyme variation and alleged progenitor-derivative relationships in the *Medicago murex* complex (Fabaceae). **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 181, p. 33-43, 1992.

STANDARDI, A.; PICCIONI, E. Recent perspectives on synthetic seed technology using nonembryogenic *in vitro*-derived explants. **International Journal of Plant Science**, Chicago, v. 159, p. 968-978, 1998.

STANFORD, E. H. Tetrasomic inheritance in alfalfa. **Agronomy Journal**, Madison, v. 43, p. 222-225, 1951.

STANFORD, E. H., CLEMENT, W. M., BINGHAM, E. T. Cytology and evolution of the *Medicago sativa-falcata* complex. In: HANSON, C.H. (Ed.). **Alfalfa science and technology**. Madison: American Society of Agronomy, 1972. p. 87-101.

STANFORD, E. H.; CLEMENT, W. M. Cytology and crossing behavior of a haploid alfalfa plant. **Agronomy Journal**, Madison, v. 50, p. 589-592, 1958.

TABE, L. M.; WARDLEY-RICHARDSON, T.; CERIOTTI, A.; ARYAN, A.; McNABB, W.; MOORE, A.; HIGGINS, T. J. V. A biotechnological approach to improving the nutritive value of alfalfa. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 73, p. 2.752-2.759, 1995.

TAVOLETTI, S. A.; MARIANI, A.; VERONESI, F. Cytological analysis of macro and microsporogenesis of a diploid alfalfa clone producing male and female 2n gametes. **Crop Science**, Madison, v. 31, p. 1258-1263, 1991.

TAVOLETTI, S.; PESARESI, P.; BARCACCIA, G.; ALBERTINI, E.; VERONESI, F. Mapping the *jp* (jumbo pollen) gene and QTLs involved in multinucleate microspore formation in diploid alfalfa. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 101, p. 372-378, 2000.

TEUBER, L. R.; BRICK, M. A. Morphology and anatomy. In: HANSON, A. A.; BARNES, D. K.; HILL, R. R. (Ed.). **Alfalfa and alfalfa improvement**. Madison: American Society of Agronomy, 1988. p. 125-162.

THOQUET, P.; GHÈRARDI, M.; JOURNET, E. P.; KERESZT, A.; ANÉ, J. M.; PROSPERI, J. M.; HUGUET, T. The molecular genetic linkage map of the model legume *Medicago truncatula*: an essential tool for comparative legume genomics and the isolation of agronomically important genes. **BMC Plant Biology**, London, v. 2, 2002. Disponível em: < <http://www.biomedcentral.com/1471-2229/2/1> > . Acesso em: 20 mar. 2006.

TOWN, C. D. Annotating the genome of *Medicago truncatula*. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 9, p. 122-127, 2006.

VERONESI, F.; MARIANI, A.; BINGHAM, E. T. Unreduced gametes in diploid *Medicago* and their importance in alfalfa breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 72, p. 37-41, 1986.

VIANDS, D. R.; SUN, P.; BARNES, D. K. Pollination control: mechanical and sterility. In: HANSON, A. A.; BARNES, D. K.; HILL, R. R. (Ed.). **Alfalfa and alfalfa improvement**. Madison: American Society of Agronomy, 1988. p. 931-960.

VORSA, N.; BINGHAM, E. T. Cytology of 2n pollen formation in diploid alfalfa *Medicago sativa*. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 21, p. 525-530, 1979.



A mendoim

Domesticação pelos indígenas

Foto: Rosa Lía Barbieri



A amendoim

Alessandra Pereira Fávero
Renato Ferraz de Arruda Veiga

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é considerado mundialmente uma importante fonte de óleo (45 %) e proteína (de 20 % a 25 %). Por possuir grãos com alto valor nutritivo nas sementes, o amendoim é consumido in natura e empregado na indústria de óleos e de margarina, bem como na confecção de sabões, de glicerina e de tintas. A casca do fruto é empregada como inerte na indústria de dinamite, de linóleos e de produtos de limpeza (CLAY, 1938; QUIMBRASIL, 1980; AHMED; YOUNG, 1982; KRISHNA; MITRA, 1988, HAMMONS, 1982, 1994; GODOY et al., 1999).

Acredita-se que a domesticação do amendoim se deu por volta de 6 a 7 mil anos atrás, encontrando-se registros de seu plantio na região andina, desde o período pré-colombiano. Consta que suas sementes podem ter sido levadas, por vias transpácificas, da América até a China e a Índia, antes da chegada de Cristóvão Colombo à América (KRAPOVICKAS, 1998).

Em se tratando de alimentação, na Bolívia, é muito usado na dieta diária, servido em sopas, picado, misturado em pães ou em tortas de milho e para produzir uma bebida fermentada, a *chicha de maní*. No Brasil, o mais comum é o seu consumo in natura, torrado, salgado ou doce, porém é utilizado também em bebidas alcoólicas, como licores. Os povos orientais também costumam consumi-lo in natura, em meio a pratos compostos com carnes (HAMMONS, 1982; PROUS, 1992; FAGUNDES, 2003; KRAPOVICKAS, 1994, 1995; WILLIAMS, 1996, 2006; FAGUNDES, 2003).

O impacto econômico do amendoim se deve principalmente à sua grande diversidade na forma de consumo. O amendoim é considerado a quarta maior cultura oleaginosa no mundo. Sua produção chega a 10,23 % do total da safra mundial de oleaginosas e está somente atrás da soja, do algodão e da colza. A produção mundial em 2003–2004 foi de 34,5 milhões de toneladas. Os principais produtores mundiais, em 2002, foram a China (43,9 % da produção mundial), a Índia (22,9 %), os Estados Unidos (5,3 %), a Nigéria (4,5%), a Indonésia (3 %), o Senegal (2,7 %). O Brasil está em 13º lugar, com 0,6 % da produção mundial (AGRIANUAL, 2005).

Na safra 2002–2003, a estimativa da área plantada foi de 84,5 mil hectares, dos quais 52 mil hectares foram plantados no Estado de São Paulo, quantidade essa que subiu para 89 mil hectares em 2005. A produtividade média brasileira é de 2.264 kg/ha na estação da chuva e de 1.491 kg/ha na estação da seca. A produção em 2003–2004 foi de 213.200 t e, em 2005, de 301.700 t em casca, sendo certo que somente o Estado de São Paulo foi responsável por 80 % dessa produção, numa área de 72,2 mil hectares. Outros estados que têm plantado amendoim com o mesmo nível tecnológico de São Paulo são Mato Grosso e Mato Grosso do Sul. (AGRIANUAL, 2005; PRÓ-AMENDOIM, 2006; CONAB, 2006). Na Região Nordeste, o plantio de amendoim é feito, em menor escala, por pequenos agricultores e arrendatários, que o cultivam para consumo

próprio e comercializam o excedente em feiras. Contudo, há indícios de ampliação de áreas plantadas por grandes produtores, principalmente no Estado da Bahia.

As principais cultivares que ocupam maior área de plantio no Brasil são: IAC-Tatu-ST (tipo Valência), IAC-Caiapó e Runner-IAC-886 (tipo Runner), enquanto somente 20 mil hectares são plantados com outros materiais (GODOY, 2006).

As espécies silvestres, em especial as perenes, podem ser utilizadas como ornamentais, em virtude da beleza de suas flores papilionadas (de coloração amarela ou alaranjada, algumas com marcas avermelhadas) e de sua folhagem; da facilidade de composição ornamental com outras folhagens; da rapidez na cobertura do solo; do hábito de fechar os folíolos na ausência de luz, entre tantas outras características. São exemplos de espécies silvestres, atualmente cultivadas em jardins: *Arachis glabrata*, *A. helodes*, *A. pintoii*, *A. repens*, *A. kempff-mercadoi*, *A. kuhlmannii*, *A. diogoi*, *A. matiensis* e *A. chiquitana* (VEIGA et al., 2003).

O uso forrageiro de algumas espécies silvestres é cada vez mais comum, principalmente de *A. pintoii* e de *A. glabrata*, em consórcio com gramíneas ou como feno; outras espécies têm mostrado também populações com potencial para tal, mesmo não sendo perenes, como *A. sylvestris* (A.Chev.) A.Chev. As espécies perenes também têm sido utilizadas no controle de erosão e de plantas daninhas e, até mesmo, no consórcio com fruteiras (PRINE, 1964; VALLS; SIMPSON, 1993, 2005; KRAPOVICKAS, 1994; PIZARRO, 1994, VALLS; PIZARRO, 1993; VEIGA et al., 1996, 2003).

As espécies silvestres também têm grande potencial como fonte de genes de interesse, que podem ser utilizados no melhoramento do amendoim cultivado. Diversas dessas espécies possuem resistência a várias pragas e doenças e se cruzam com o amendoim, o que permite incluí-las em programas de melhoramento (CONAGIN, 1962; GODOY et al., 1999; GREGORY; GREGORY, 1976; GUOK et al., 1986; PANDE; RAO, 2001, VALLS, 2005; FÁVERO et al., 2006).

Taxonomia e origem geográfica das espécies silvestres

O gênero *Arachis* tem como espécie mais conhecida *A. hypogaea*, descrita por Linneu em 1753, a qual com-partilha o gênero com 79 espécies silvestres. Segundo Valls (2005), no território brasileiro são conhecidas 62 espécies (43 restritas ao País), outras são encontradas na Argentina (7 espécies, 1 endêmica), na Bolívia (18 espécies, 10 endêmicas), no Paraguai (17 espécies, 2 endêmicas) e no Uruguai (3 espécies), as quais estão distribuídas segundo a Tabela 1.

As espécies consideradas como mais primitivas são as de hábito perene. No Brasil central, isso engloba espécies das seções *Triectoides* (com três folíolos por folha) e das seções *Erectoides* e *Extranervosae*, das quais derivam as espécies das demais seções (KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994; VALLS, 2005).

Tabela 1. Espécies do gênero *Arachis* e sua distribuição dentro das seções.

Seção <i>Triectoides</i>	Seção <i>Caulorrhizae</i>	Seção <i>Arachis</i>
<i>A. guaranítica</i> Chodat & Hassl.	<i>A. Pintoi</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. Batizocoi</i> Krapov. & W. C. Greg.
<i>A. tuberosa</i> Bongard ex Benth.	<i>A. repens</i> Handro	<i>A. benensis</i> Krapov., W. C. Greg. & C. E. Simpson
Seção <i>Erectoides</i>	Seção <i>Rhizomatosae</i>	<i>A. Cardenasii</i> Krapov. & W. C. Greg.
<i>A. Archeri</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. Burkartii</i> Handro	<i>A. correntina</i> (Burkart) Krapov. & W. C. Greg.
<i>A. Benthamii</i> Handro.	<i>A. glabrata</i> Benth.	<i>A. cruziana</i> Krapov., W. C. Greg. & C. E. Simpson
<i>A. brevipetiolata</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. nitida</i> Valls, Krapov. & C. E. Simpson.	<i>A. decora</i> Krapov., W. C. Greg. & Valls
<i>A. cryptopotamica</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. pseudovillosa</i> (Chodat & Hassl.) Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. diogoi</i> Hoehne
<i>A. douradiana</i> Krapov. & W. C. Greg.	Seção <i>Extranervosae</i>	<i>A. duranensis</i> Krapov. & W. C. Greg.
<i>A. gracilis</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. Burchellii</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. glandulifera</i> Stalker
<i>A. Hatschbachii</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. lutescens</i> Krapov. & Rigoni	<i>A. Gregoryi</i> C. E. Simpson, Krapov. & Valls
<i>A. Hermannii</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. Macedoi</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. helodes</i> Martius ex Krapov. & Rigoni
<i>A. major</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. marginata</i> Gardner	<i>A. Herzogii</i> Krapov., W. C. Greg. & C. E. Simpson
<i>A. Martii</i> Handro	<i>A. Pietrarellii</i> Krapov. & W. C. Greg.	
<i>A. Oteroi</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. prostrata</i> Benth.	
<i>A. paraguariensis</i> Chodat & Hassl.		
<i>A. porphyrocalyx</i> Valls & C. E. Simpson		
<i>A. stenophylla</i> Krapov. & W. C. Greg.		

Continua...

Tabela 1. Continuação.

Seção Procumbentes	<i>A. retusa</i> Krapov., W. C. Greg. & Valls	<i>A. Hoehnei</i> Krapov. & W. C. Greg.
<i>A. appressipila</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. setinervosa</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. hypogaea</i> L.
<i>A. chiquitana</i> Krapov., W. C. Greg. & C. E. Simpson	<i>A. submarginata</i> Valls, Krapov. & C. E. Simpson	<i>A. ipaënsis</i> Krapov. & W. C. Greg.
<i>A. Hassleri</i> Krapov., Valls & C. E. Simpson	<i>A. villosulicarpa</i> Hoehne	<i>A. Kempff-Mercadoi</i> Krapov., W. C. Greg. & C. E. Simpson
<i>A. kretschmeri</i> Krapov. & W. C. Greg.	Seção Triseminatae	<i>A. Kuhlmannii</i> Krapov. & W. C. Greg.
<i>A. lignosa</i> (Chodat & Hassl.) Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. triseminata</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. krapovickasii</i> C. E. Simpson, D. E. Williams, Valls & I. G. Vargas
<i>A. matiensis</i> Krapov., W. C. Greg. & C. E. Simpson	Seção Heteranthae	<i>A. linearifolia</i> Valls, Krapov. & C. E. Simpson
<i>A. Pflugeae</i> C. E. Simpson, Krapov. & Valls	<i>A. Dardani</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. magna</i> Krapov., W. C. Greg. & C. E. Simpson
<i>A. Rigonii</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. Giacomettii</i> Krapov., W. C. Greg., Valls & C. E. Simpson	<i>A. microsperma</i> Krapov., W. C. Greg. & Valls
<i>A. subcoriacea</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. interrupta</i> Valls & C. E. Simpson	<i>A. monticola</i> Krapov. & Rigoni
<i>A. vallsii</i> Krapov. & W. C. Greg.	<i>A. pusilla</i> Benth.	<i>A. palustris</i> Krapov., W. C. Greg. & Valls
	<i>A. seridoënsis</i> Valls, C. E. Simpson, Krapov. & R. Veiga	<i>A. praecox</i> Krapov., W. C. Greg. & Valls
	<i>A. sylvestris</i> (A. Chev.) A. Chev.	<i>A. schininii</i> Krapov., Valls & C. E. Simpson
		<i>A. Simpsonii</i> Krapov. & W. C. Greg.
		<i>A. stenosperma</i> Krapov. & W. C. Greg.
		<i>A. trinitensis</i> Krapov. & W. C. Greg.
		<i>A. valida</i> Krapov. & W. C. Greg.
		<i>A. villosa</i> Benth.
		<i>A. Williamsii</i> Krapov. & W. C. Greg.

Fonte: Krapovickas; Gregory (1994) e Valls; Simpson (2005).

Arachis é considerado muito diferente de outros gêneros próximos, como *Stylosanthes*, uma vez que produz frutos sob a terra. Acredita-se que tenha se originado na Serra de Amambai, no limite de Mato Grosso do Sul com o Paraguai, onde ocorre *A. guaranitica*, considerada a espécie mais primitiva, que ainda possui três folíolos, enquanto as espécies mais derivadas possuem quatro folíolos. A área de ocorrência do gênero situa-se desde a Ilha de Marajó até o sopé da Cordilheira dos Andes, na Bolívia e na Argentina, às margens

do Rio da Prata, no Uruguai, e no litoral atlântico brasileiro (KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994; VANNI, 2006), em uma área de 4 mil quilômetros de extensão, nos mais diversos ambientes, desde florestas descontínuas até vegetação aberta de gramíneas, em regiões com média superior a 2 mil milímetros de chuva por ano ou em pedregulho árido, e desde o nível do mar até 1.450 m de altitude.

Considera-se que a maioria das espécies se reproduz por autofecundação, porém, ocasionalmente, pode ocorrer a fecundação cruzada feita por abelhas. Normalmente, as populações das espécies silvestres de amendoim encontradas na natureza são de tamanho pequeno e não ocupam áreas muito extensas (CHEVALIER, 1933; GREGORY et al., 1980; KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994). Espécies de *Arachis* dificilmente se propagam por mais de um metro por ano, logo, para percorrer 2,5 mil quilômetros, seriam necessários 2,5 milhões de anos. Acredita-se que a dispersão fluvial deva ter muita importância, já que seus frutos podem flutuar ao serem arrastados pelas enxurradas e pelo fato de muitas espécies estarem associadas às bacias dos rios Paraguai, Paraná, Araguaia e São Francisco. Também parece importante a ação de animais na dispersão dos frutos, como a do gavião carcará (*Polyborus plancus*), tanto assim que, em alguns lugares, o amendoim silvestre é conhecido como “amendoim de carcará” (VEIGA; VALLS, 1982; VALLS, 1983; KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994).

Acredita-se que a ação humana também tenha sido de fundamental importância na dispersão de espécies de *Arachis*, pois o processo de domesticação de *A. hypogaea* e *A. villosulicarpa* implicou em grande conhecimento e manejo de amendoim silvestre por parte dos indígenas. Há provas de que o homem transportou frutos de espécies silvestres para além da Cordilheira dos Andes. Na costa pacífica do Peru, em Bermejo, foram encontrados sítios arqueológicos pré-colombianos com restos de segmentos de fruto de amendoim com pericarpo reticulado, similar aos de algumas espécies silvestres, que não são encontradas atualmente naquela região. As populações naturais de

amendoins silvestres mais próximas, que se possam coletar em local original, estão em El Beni, na Bolívia, a leste dos Andes. Evidências de cultivo de determinadas populações de espécies silvestres por humanos também podem ser citadas, tais como *A. sylvestris* e *A. stenosperma* (GREGORY et al., 1973; HAMMONS, 1982; VEIGA, 1994; VALLS; SIMPSON, 1994; KRAPOVICKAS, 1996; SIMPSON et al., 2001).

Deve-se lembrar aqui das espécies cultivadas atualmente pelos indígenas, como *A. villosulcarpa* e *A. stenosperma*. Uma prova da condição de planta cultivada de *A. villosulcarpa* é a superior tenacidade do seu *peg*, estrutura formada por tecido somático que empurra o ovário para dentro da terra, possibilitando a formação do fruto subterrâneo, em comparação a de outras espécies silvestres. Além disso, essa espécie foi encontrada em estado cultígeno nas proximidades de Juruena (Nambiquaras), no centro-oeste de Mato Grosso, e em Vilhena, extremo sudeste de Rondônia. Já a espécie *A. stenosperma* foi encontrada em áreas cultivadas por índios, no litoral do Paraná. Outras espécies com evidências de terem sido utilizadas pelos indígenas no passado são: *A. pintoii*, *A. monticola* e *A. sylvestris* (GREGORY et al., 1973; VEIGA, 1994; VALLS; SIMPSON, 1994; FREITAS et al., 2007; VALLS, 1996).

Citogenética

A maioria das espécies silvestres do gênero *Arachis* são diplóides e possuem 20 cromossomos. Somente 5 espécies possuem 40 cromossomos, a saber: *A. hypogaea*, *A. monticola*, *A. glabrata*, *A. pseudovillosa* e *A. nitida* (FERNÁNDEZ; KRAPOVICKAS, 1994, PEÑALOZA; VALLS, 2005). As quatro espécies a seguir possuem $2n=18$: *A. palustris*, *A. praecox*, *A. decora* e *A. porphyrocalix* (LAVIA, 1996, 1998; PEÑALOZA; VALLS, 2005). A simetria do cariótipo dá uma idéia da evolução, e a tendência geral é considerar que as espécies com cariótipos mais simétricos são consideradas as mais primitivas (STEBBINS, 1971). Os cromossomos de

espécies de *Arachis* são pequenos, com 1 mm a 4 mm, e podem se diferenciar no tamanho, no posicionamento do centrômero, nos tipos de satélites (tipo 1 até 10), no tempo de condensação na metáfase e em outras características.

Arachis guaranitica e *A. tuberosa*, ambas da seção *Trierectoides*, seriam as espécies mais primitivas de *Arachis*, por sua exomorfologia. Uma dessas espécies, *A. guaranitica*, possui o cariótipo mais simétrico entre aqueles já analisados, com 10 pares metacêntricos e o índice centromérico com a média mais elevada (KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994).

Husted (1933, 1936) observou no amendoim cultivado (*A. hypogaea*) que há presença de dois pares de cromossomos diferentes dos demais. Um par foi denominado de A, com coloração diferenciada e bem menor que os demais cromossomos; o outro par, com constrição secundária, foi chamado de B. A presença de padrão de pareamento bivalente dos cromossomos e a observação ocasional de tetravalentes por Husted (1936) mostram a condição alotetraplóide de *A. hypogaea*. Sugere-se que a presença de somente um par A seria uma forte indicação de diferenciação entre os dois genomas do amendoim, podendo ser considerado um marcador genômico presente em algumas espécies silvestres e ausente em outras. Smartt et al. (1978) sugerem que há várias espécies silvestres de *Arachis* com cromossomos A, entre as quais a espécie *A. cardenasii* poderia ser a principal candidata a ancestral do amendoim *A. hypogaea* com genoma A. *Arachis batizocoi* foi a única espécie sem o par A utilizada no trabalho, logo seria uma possível doadora do genoma B. Hoje, denominam-se espécies de genoma A, aquelas pertencentes à seção *Arachis* e possuidoras do par de cromossomos A. Já as espécies de genoma B são aquelas pertencentes à seção *Arachis* que não possuem o par A e compartilham o genoma B do amendoim cultivado.

Na seção *Arachis*, encontra-se a maior quantidade de espécies com diferentes tipos de cromossomos com satélite, o que indicaria que essa seção está em processo mais dinâmico de evolução cariotípica (FERNÁNDEZ;

KRAPOVICKAS, 1994). As espécies com cromossomos A e com o cariótipo mais assimétrico (16m + 4sm) são: *A. villosa*, *A. helodes*, *A. cardenasii* e *A. correntina*. Considera-se o meridiano 57° como o eixo da área de distribuição do gênero *Arachis*, encontrando-se a oeste do meridiano a maioria das espécies com o par A (KRAPOVICKAS, 1973).

Das 31 espécies da seção *Arachis*, 15 não apresentam o par de cromossomos A, enquanto as demais analisadas o possuem (FERNÁNDEZ; KRAPOVICKAS, 1994; PEÑALOZA; VALLS, 2005).

Na seção *Arachis*, encontram-se espécies diplóides anuais e perenes, com variável grau de associação aos dois genomas que compõem *A. hypogaea* e *A. monticola*, as duas espécies tetraplóides da seção. As espécies perenes da seção *Arachis* possuem 20 cromossomos genoma A e mostram maior afinidade e cruzabilidade entre si que aquelas que não possuem esse par (STALKER, 1989; STALKER et al., 1991). Ao cruzar entre si as espécies anuais e perenes da seção *Arachis*, resultaram com maior porcentagem de pólen fértil os híbridos em que as espécies parentais apresentavam cromossomos A, independentemente do ciclo de vida (LAVIA, 1999). Nesse grupo de espécies, também se enquadram *A. duranensis*, *A. trinitensis*, *A. stenosperma* e *A. villosa*, que são anuais ou que se comportam como anuais na natureza. As espécies da seção *Arachis* sem o par pequeno são todas anuais, mas se mostram mais heterogêneas, reunindo um grupo de três espécies com 2n=18 cromossomos, *A. decora*, *A. palustris* e *A. praecox* (PEÑALOZA; VALLS, 1997, LAVIA, 1998); uma espécie com quatro pares de cromossomos metacêntricos, dois submetacêntricos e quatro subtlocêntricos, e genoma D, *A. glandulifera* (STALKER, 1991; FERNÁNDEZ; KRAPOVICKAS, 1994; ROBLEDO; SEIJO, 2008); e um grupo heterogêneo com 20 cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos (ou um raro par subtlocêntrico), em que se situa o mais provável doador do genoma B de *A. hypogaea* (*A. ipaënsis*) (FERNÁNDEZ; KRAPOVICKAS, 1994) e outras espécies, mais próximas ou mais distintas desta última.

Taxonomia e nomenclatura do amendoim cultivado

A espécie *A. hypogaea* é dividida em duas subespécies e seis variedades, sendo elas: *A. hypogaea* subsp. *hypogaea* var. *hirsuta*, *A. hypogaea* subsp. *hypogaea* var. *hypogaea*, *A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *aequatoriana*, *A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *fastigiata*, *A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *peruviana* e *A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *vulgaris*. Um tipo morfológico que não se encaixa nos demais, o qual vem sendo chamado de tipo Xingu, foi identificado em germoplasma do Parque Indígena do Xingu, em aldeias dos índios caiabi (KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994; VALLS, 2005). O amendoim é classificado agronomicamente como pertencente aos grupos Valência, Spanish ou Virginia, de acordo com caracteres vegetativos e reprodutivos (GODOY et al., 1999) listados a seguir:

Tipo Virginia: com ciclo longo, frutos grandes com dois grãos (raramente três ou quatro), eixo central sem inflorescências, de hábito rasteiro.

Tipo Spanish: com ciclo curto, frutos pequenos com dois grãos, eixo central com inflorescência e planta de hábito ereto.

Tipo Valência: com ciclo curto, frutos pequenos com quatro a cinco grãos, eixo central com inflorescências e planta de hábito ereto.

Durante as atividades de hibridação em programas de melhoramento, pode ocorrer o cruzamento entre materiais de classificação agrônômica distinta, gerando assim novas cultivares com classificação agrônômica não definida, pois terá características dos dois tipos utilizados como genitores. Um exemplo disso é a cultivar IAC-Caiapó, que surgiu do cruzamento de um material tipo Virginia com um tipo Spanish (IAC, 1996).

Origem do amendoim cultivado e seus possíveis ancestrais

Várias regiões são consideradas centros de origem e diversidade do amendoim cultivado (*A. hypogaea*). O sul da Bolívia é considerado centro de origem e diversidade de *A. hypogaea* ssp. *hypogaea* var. *hypogaea* (tipo Virginia); e o centro-oeste boliviano é considerado centro de diversidade de *A. hypogaea* ssp. *fastigiata* (tipos Valência e Spanish) e centro de origem dos amendoins *A. hypogaea* ssp. *fastigiata* var. *fastigiata* (tipo Valência), uma região entre essas duas áreas. Isso possibilita teorizar sobre eventos de origens distintas para os tipos botânicos do amendoim (HAMMONS, 1982).

Como uma das hipóteses mais aceitas, o amendoim comum tem sua origem apontada para o sul da Bolívia, no Gran Chaco boliviano, região onde se sobrepõem as duas espécies diplóides que, provavelmente, lhe deram origem: *A. duranensis* e *A. ipaënsis*. Ademais, essa região é próxima de onde ocorre *A. monticola* (AABB), possivelmente relacionada com a origem de *A. hypogaea*, que tem 40 cromossomos e com a qual foram obtidos híbridos férteis com *A. hypogaea*. As duas espécies silvestres (*A. duranensis* e *A. ipaënsis*) de genomas A e B, respectivamente, ocorrem naturalmente na mesma região e teriam se cruzado mediante polinização por abelhas, gerando um híbrido estéril que teria poliploidizado naturalmente. Acredita-se que a variedade *hypogaea* seja possivelmente a forma mais antiga e que tenha se originado na região próxima da linha de fronteira entre a Bolívia e a Argentina. Tal híbrido fértil teria sido domesticado por indígenas da América do Sul (KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994). Diversas espécies silvestres já foram consideradas como possíveis ancestrais do amendoim cultivado.

Gregory e Gregory (1976) foram os primeiros a indicarem *A. duranensis* e *A. cardenasii* como possíveis ancestrais do amendoim cultivado. Smartt et al. (1978), baseados em

estudos de caracterização citogenética e de cruzabilidade, mostraram que as espécies *A. batizocoi* e *A. cardenasii* seriam as doadoras do genoma de *A. hypogaea*. Gregory et al. (1980) indicam também essa hipótese, apesar de apontarem que novas coletas estariam sendo feitas e que outras espécies poderiam ser novas candidatas a ancestrais de *A. hypogaea*. Porém, outros autores, por meio de uso da caracterização citogenética, descartam a hipótese dos ancestrais serem *A. cardenasii* e *A. batizocoi*. Singh (1986, 1988) sugeriu também que os ancestrais fossem *A. duranensis* e *A. batizocoi*, enquanto Krishna e Mitra (1988), baseados em dados obtidos por proteínas de reserva, sugerem que os possíveis genitores seriam *A. duranensis* ou *A. cardenasii*.

Stalker et al. (1991) fizeram cruzamentos entre *A. ipaënsis* e *A. hypogaea* e *A. duranensis* e *A. hypogaea*, mas sem sucesso. Kockert et al. (1991, 1996), por meio do uso de marcadores RFLP, consideraram que os ancestrais seriam *A. ipaënsis* e *A. duranensis*. Paik-Ro et al. (1992), com o uso de RFLP em acessos de *A. hypogaea*, *A. monticola*, *A. batizocoi*, *A. cardenasii*, *A. duranensis* e *A. glandulifera*, sugeriram que *A. duranensis* foi a espécie que se apresentou mais próxima de *A. hypogaea*. Krapovickas e Gregory (1994) afirmam que *A. monticola*, espécie silvestre tetraplóide que se cruza com *A. hypogaea* gerando descendentes férteis, possa ser um ancestral do amendoim cultivado ou um derivado do mesmo, o que leva a acreditar que as espécies com mais chances de ser ancestrais de *A. hypogaea* seriam *A. ipaënsis* e *A. duranensis*, contudo não descartam a possibilidade de origem polifilética (FERNÁNDEZ; KRAPOVICKAS, 1994).

Hilu e Stalker (1995) confirmaram, por marcadores RAPD, que *A. duranensis* pode ser o doador do genoma A de *A. hypogaea* e descartam que *A. batizocoi* seja o doador do genoma B. Singh & Smartt (1998) sugeriram que, até que se produzisse um anfiploide sintético fértil entre *A. duranensis* e *A. ipaënsis*, que se cruzasse com *A. hypogaea* e produzisse um híbrido fértil, não seria resolvida a questão dos prováveis ancestrais de *A. hypogaea*. Além disso, a reprodução de *A. hypogaea* poderia não ser feita

de forma exata, em virtude do longo período de separação entre o presente e a origem da espécie.

Raina e Mukai (1999a, 1999b), por meio de hibridização fluorescente in situ (FISH) e por hibridização genômica in situ (GISH) e Raina et al. (2001), por meio de marcadores RAPD e ISSR, observaram que *A. ipaënsis* e *A. villosa* seriam os mais prováveis genitores do amendoim cultivado. Já Fávero et al. (2006) realizaram o cruzamento entre *A. ipaënsis* e *A. duranensis*, gerando um híbrido estéril que, posteriormente, foi poliploidizado com o uso de colchicina e cruzado com todas as seis variedades botânicas de *A. hypogaea*, acreditando-se que *A. ipaënsis* e *A. duranensis* sejam as espécies ancestrais mais prováveis do amendoim cultivado.

Simpson et al. (2001) acreditam na possibilidade de que a origem do amendoim não tenha ocorrido a partir de apenas um evento; mas sim, de mais de um. Essa possibilidade se deve ao fato de terem sido encontrados vestígios arqueológicos nos Andes, onde foi possível observar frutos de espécies silvestres de *Arachis*, indicando que tribos caçadoras e coletoras possivelmente as cultivavam. É possível que *A. hypogaea* tenha sua origem, por meio de domesticação pelo homem, em quintais de civilizações caçadoras/coletoras/cultivadoras, pois, em dois sítios arqueológicos escavados perto de Casma, no Peru, foram encontradas amostras de amendoim semelhantes a segmentos de fruto de *A. magna*, *A. ipaënsis* ou *A. monticola*, datadas de 1800 a 1500 a.C. No outro sítio, foram encontrados segmentos de frutos parecidos com os atuais de *A. duranensis*. Se as populações cultivavam espécies de genoma A e B em um mesmo local, não seria difícil que abelhas fizessem cruzamentos entre elas, gerando híbridos estéreis. No gênero *Arachis*, não é incomum a ocorrência de eventos de poliploidização. Tal fenômeno de poliploidização pode ter ocorrido nas eventuais roças dessas espécies levadas para cultivo na vertente ocidental dos Andes, originando uma planta tetraplóide e fértil, que foi então domesticada por essas populações nativas.

Dispersão do amendoim cultivado

Ao comparar a distribuição das variedades de amendoim com a dispersão dos povos indígenas da floresta tropical de agricultura rudimentar, surge a importância das populações araucas e guaranícas na criação, seleção e dispersão do amendoim (KRAPOVICKAS, 1995). Logo, a domesticação é um processo com muitas variáveis, assim como a migração dos povos. Atualmente, a maioria dos centros importantes de cultivo não coincide com os lugares de origem dos materiais.

O início da domesticação é um processo muito antigo e com importante participação feminina. Supõe-se que o utensílio mais primitivo utilizado tenha sido o “pau cavador”, que seria usado para plantar quase sem movimento da terra, e para colher partes subterrâneas de plantas silvestres, ação sempre associada à coleta, à caça e à pesca. O “pau cavador” seria uma ferramenta neolítica com ponta aguda ou em bisel, que provavelmente foi usada entre os anos de 10000 e 4000 a.C. A agricultura possibilitou então um certo grau de sedentarismo e, com ela, começou o desenvolvimento da agricultura de aldeia (KRAPOVICKAS, 1996).

Considera-se a existência de seis centros de diversidade do amendoim: I. Guaranítico; II. Centro-Oeste (GO) e Sudeste do Brasil (MG); III. Norte (RO) e Centro-Oeste do Brasil (MT); IV. Vertente oriental dos Andes, na Bolívia; V. Peru; VI. Nordeste do Brasil. Tais centros possuem predominância de algumas subespécies, tais como: subsp. *fastigiata* (centros I e II), subsp. *hypogaea* (centro III), subsp. *hypogaea* var. *hypogaea* (centro IV), subsp. *hypogaea* var. *hirsuta* (centro V) e, finalmente, a subsp. *fastigiata* (centro VI) (GREGORY; GREGORY, 1976).

Acredita-se que os portugueses levaram o amendoim do Brasil para a África e a Índia, e os espanhóis para a Indonésia e a China, sendo certo que, posteriormente, outros fluxos ocorreram para a América Central, Caribe, México e

América do Norte, atingindo assim o mundo todo. Foram encontrados restos arqueológicos de amendoim comum de 300 d.C. (México), 1800 a.C. (Peru) e até de 2500 a.C. (China), o que somente comprova a antigüidade de sua dispersão mundial (HAMMONS, 1982). Hoje é conhecido mundialmente por mais de 30 nomes vulgares, dos quais os mais usados são: amendoim, cacauete, maní e munduví (VEIGA; VALLS, 1982).

Quanto à diversidade genética do amendoim, é no Peru e no Equador que se encontra a sua maior variabilidade, pois, nesses países, se cultivam raças pertencentes a todas as variedades, exceto a *vulgaris*. Então, o Peru seria um centro de variação secundário. Acredita-se que o centro de variação mais importante da variedade *hypogaea* seja a costa oriental dos Andes, na Bolívia, por ser o mais próximo da área das espécies silvestres. Contudo, haveria dois outros centros de variação, um nas regiões baixas da costa pacífica do Equador e o outro no Rio Xingu (MT). A variedade *hypogaea* é conhecida vulgarmente como tipo Virginia. Sua origem e difusão nos EUA ainda não são claras, mas acredita-se que estejam associadas ao tráfico de escravos entre a África e as Antilhas (HAMMONS, 1982; KRAPOVICKAS, 1995).

A variedade *hirsuta* é considerada como muito tardia e, hoje, de plantio pouco freqüente, porém teve grande importância na antigüidade.

Amostras de amendoim arqueológico foram encontradas em muitos sítios na costa do Peru, e a dispersão deve ter sido muito antiga, pois apresentam variante como de Madagascar (*A. hypogaea* var. *microcarpa*). Seriam necessários estudos sobre a dispersão do amendoim, saindo da América do Sul em direção a outros continentes, para que fosse possível compreender as relações transpácificas anteriores às viagens de Colombo (HAMMONS, 1982; KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994).

A variedade *peruviana* é considerada quase exclusiva do Peru. A raça Tingo María, representante típica da peça de ouro e de prata com o formato de uma vagem de

amendoim, encontrada nas tumbas reais de Sipán, é caracterizada como *A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *peruviana*. A variedade *aequatoriana* só é conhecida no Equador e no norte do Peru como local natural de ocorrência. A variedade *fastigiata* é caracterizada por genótipos precoces, que se dispersaram por regiões com períodos curtos de chuva no mundo todo. Foi conhecida nos Estados Unidos por Valencia por ter sido introduzida da Espanha, no início do século 20 (HAMMONS, 1982; KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994; KRAPOVICKAS, 1995).

A variedade *vulgaris* tem como centro de variação mais importante o Uruguai. Foi difundida no mundo todo por sua qualidade oléica e, nos EUA, recebeu o nome de Spanish, já que alguns autores acreditavam que essa variedade teria sido introduzida nos Estados Unidos, oriunda da Espanha, em 1871 (HAMMONS, 1982; KRAPOVICKAS, 1995).

Cruzabilidade com o amendoim cultivado

Um dos maiores problemas no uso das espécies silvestres para melhoramento genético é a sua incompatibilidade com o amendoim comum. Estudos de compatibilidade em cruzamentos são fundamentais para confirmar a possibilidade de incorporação dos acessos a programas de melhoramento convencional (FÁVERO, 2006). Foram observados vários processos que levariam à falha na obtenção de híbridos em cruzamentos de amendoim, tais como: a) falta de fertilização; b) fertilização atrasada; c) inabilidade dos proembriões para crescerem depois de o *peg* atingir o solo; d) crescimento muito lento dos proembriões (TALLURY et al., 1995).

Algumas razões para incompatibilidade entre espécies são: a) utilização de espécies silvestres como genitores femininos; b) barreiras de ploidia; c) diferenças genômicas entre espécies; d) meiose irregular em híbridos tratados

com colchicina; e) dificuldades encontradas em gerações de retrocruzamentos quando se obtêm aneuplóides ou pentaplóides (STALKER; MOSS, 1987). A esterilidade de híbridos triplóides originários dos cruzamentos entre amendoim cultivado (tetraplóide – 40 cromossomos) e espécies silvestres, as quais, na maioria, são diplóides (20 cromossomos), podem ser resolvidos por meio do uso da colchicina para viabilizar a duplicação dos cromossomos. Quando se utilizam espécies da seção *Arachis*, alguns trabalhos vêm mostrando que, em cruzamentos interespecíficos, há diferenças entre os cruzamentos recíprocos e que espécies perenes geralmente se hibridizam melhor quando utilizadas como genitores masculinos (STALKER; MOSS, 1987).

Uma alta taxa de sucesso foi observada quando o amendoim cultivado foi utilizado como genitor feminino (TALLURY et al., 1995). O processo de obtenção de indivíduos com 40 cromossomos é trabalhoso e apresenta dificuldades, como barreiras de esterilidade (ausência de florescimento e frutificação) nos vários níveis de ploidia (COMPANY et al., 1982).

Existem diversas formas de introgressão de genes de espécies em *A. hypogaea* (SIMPSON, 1991; SIMPSON et al., 2001). A primeira delas seria o cruzamento da espécie silvestre diplóide ($2n=20$) com *A. hypogaea*, gerando um híbrido triplóide que seria tratado com colchicina para duplicação dos cromossomos, tornando-o hexaplóide e fértil. Esse hexaplóide seria retrocruzado com *A. hypogaea* várias vezes até que houvesse a perda de cromossomos e a progênie voltasse a ter 40 cromossomos. Esse tipo de técnica tem sido usada nos Estados Unidos e na Índia. O segundo processo de introdução seria a duplicação de cromossomos de espécies silvestres de genoma A e B, tornando-as tetraplóides, e o posterior cruzamento entre elas, seguido por cruzamento desse híbrido com *A. hypogaea*. Vários retrocruzamentos serão necessários para manter somente caracteres de interesse oriundos das espécies silvestres. Essa técnica não tem se mostrado muito interessante, pois há altos índices de esterilidade após o

primeiro retrocruzamento. O terceiro processo seria o cruzamento entre uma espécie de genoma A com uma de genoma B, gerando um híbrido estéril, que seria tetraploidizado por meio do uso da colchicina, tornando um anfidiplóide sintético fértil, que seria cruzado com *A. hypogaea* e retrocruzado várias vezes até que todos os caracteres de interesse em *A. hypogaea* fossem recuperados. Esta última forma foi a que mostrou resultados mais promissores.

Nos Estados Unidos, já foi lançada a primeira cultivar de amendoim com resistência a nematóides de galhas e também a primeira com genes transferidos a partir de espécies silvestres de *Arachis*, a cultivar COAN (SIMPSON; STARR, 2001).

Melhoramento genético de *A. hypogaea*

Segundo Godoy (2006), o melhoramento genético e a criação de cultivares de amendoim para as condições brasileiras encontram algumas limitações a serem superadas: a) a diversidade de ambientes de produção, que tende a aumentar à medida que as áreas de cultivo são ampliadas e disseminadas para diversos estados do País; b) a diversidade de padrões de amendoim por causa das preferências variáveis do mercado e a rapidez com que essas variações ocorrem; c) a necessidade de criar mecanismos que motivem os produtores a utilizar sementes certificadas, reduzindo os riscos de perda de qualidade do produto comercial. Hoje, o mercado brasileiro está sendo mantido, em cerca de 80 % da área, pelas cultivares IAC Runner 886, IAC Caiapó e IAC Tatu ST. A 'IAC-Tatu-ST' vem sendo utilizada por sua qualidade de grãos, mais granados e maiores que os demais materiais de película vermelha encontrados no mercado, os quais são os preferidos dos brasileiros. A 'IAC Caiapó' e a 'IAC Runner 886' são adaptadas à mecanização, têm apelo para o mercado externo e possuem grãos grandes e de película clara.

No programa de pesquisas de melhoramento genético do IAC, algumas prioridades vêm sendo seguidas: a) obtenção de cultivares para o mercado tipo Runner; b) obtenção de cultivares rasteiras para a produção de grãos de película vermelha, semelhantes aos grãos Valência ou Spanish; c) obtenção de cultivares portadoras do caráter “alto oléico”, para os mercados de Runners e para os rasteiros de película vermelha; d) desenvolvimento de linhagens portadoras de alta resistência múltipla a doenças foliares (GODOY, 2006).

Bancos de germoplasma

Os recursos genéticos de amendoim são armazenados em Bancos Base de Germoplasma (BBG), conceito que se refere à manutenção em câmaras frias, *in vitro*, em salas climatizadas ou em criopreservação por nitrogênio líquido, visando à conservação em médio e em longo prazo. Já o termo Banco Ativo de Germoplasma (BAG) refere-se, como o próprio nome diz, a coleções ativas, onde os acessos, além de serem conservados em curto prazo, são plantados a campo ou em casa-de-vegetação e são caracterizados, avaliados, intercambiados e utilizados, rotineiramente. O melhorista necessita desse germoplasma, bem como de um bom número de informações sobre a sua variabilidade, para selecionar os acessos e incorporá-los na coleção de trabalho que fundamenta o seu programa de pesquisas. Os BAGs mais expressivos, no plano mundial, são os seguintes:

1) **Brasil** – O trabalho com o amendoim comum no Brasil começou no final da década de 1920, na Esalq, em Piracicaba, SP, no Instituto Borges de Medeiros (IBM), em Porto Alegre, RS, e no Instituto Agrônômico (IAC), em Campinas, SP. Naquela época, iniciou-se, então, o BAG-Amendoim, que persiste no IAC, atualmente, com cerca de 2 mil acessos e com um grande incremento a partir de 1979, após convênio com a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Embrapa Cenargen). Outro banco ativo de germoplasma brasileiro localiza-se na Embrapa Algodão, em Campina

Grande, PB, com 300 acessos. As pesquisas com espécies silvestres de amendoim foram iniciadas com os primeiros trabalhos morfológicos e a conservação de espécies silvestres, na década de 1950. Atualmente, o principal BAG de espécies silvestres de amendoim encontra-se na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, o qual possui mais de 900 acessos, cobrindo todas as seções e, praticamente, todas as espécies do gênero.

2) **Índia** – Considerado o principal banco internacional ativo de germoplasma do amendoim cultivado, pelo número de materiais conservados, com mais de 10 mil acessos, entre espécies silvestres e *A. hypogaea*. Localiza-se no International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (Icrisat, Patancheru).

3) **Estados Unidos** – O segundo maior BAG de amendoim do mundo, com 7 mil acessos de *A. hypogaea* e espécies silvestres. Localiza-se no USDA Plant Introduction Station, Georgia, além de possuir outro BAG na Texas Agricultural Experiment Station, em Stephenville (Texas A&M University).

4) **Argentina** – É o maior BAG de amendoim da América do Sul, com cerca de 3.520 acessos, oriundos de 39 países. Foi formado em 1930 e incrementado pelo trabalho de coleta da equipe. Localiza-se no Instituto Nacional de Tecnologia Agropecuária, em Córdoba (Inta/Manfredi).

Outros países do continente americano também participam da conservação de recursos genéticos de amendoim, como a Bolívia (Estação Experimental Saavedra – Ciat, com espécies forrageiras, e no Ministério da Agricultura, em Cochabamba), a Colômbia (manutenção de espécies forrageiras de *Arachis*, no Centro Internacional de Agricultura Tropical – Ciat, em Cali), o Equador (Estação Experimental Bolche, Guayaquil – Iniap), o Paraguai (Centro Regional de Experimentação – Cria, com 190 acessos de amendoim, Inia, Assunción), o Peru (Centro La Molina, Lima), o Uruguai (Faculdade de Agronomia da Universidade Nacional, Montevideu) e a Venezuela (tem coletado recursos genéticos por intermédio

do Centro Nacional de Pesquisa Agrícola e conservado seu germoplasma nos Estados Unidos).

Perspectivas

O amendoim é um dos cultivos de origem sul-americana que tem impacto mundial. Atualmente é a leguminosa de grão de maior difusão no mundo, posicionando-se entre os 20 cultivos alimentícios mais importantes, em especial para a Ásia, que é a maior produtora e consumidora (WILLIAMS, 2006).

Além do amendoim comum, deve-se sempre lembrar que outras espécies do gênero *Arachis* têm um bom potencial de uso presente e futuro, tanto para fins comerciais como para estudos científicos da evolução do gênero. No entanto, a legislação brasileira, restritiva de acesso aos recursos genéticos, dificultou, por alguns anos, a organização de novas expedições científicas de coletas de recursos genéticos no Brasil e as pesquisas posteriores a elas.

Seria conveniente buscar apoio internacional para as seguintes oportunidades que nos apresentam: a) contribuição com o diálogo nacional e internacional; b) repatriação de materiais coletados no passado; c) conservação ex situ; d) intercâmbio de informações e novas tecnologias; e) resgate dos usos culinários típicos do amendoim; f) prosseguimento dos avanços genéticos recentes e das pesquisas em espécies forrageiras; g) incremento e utilização das oportunidades de capacitação (WILLIAMS, 2006).

Referências

- AGRIANUAL: Anuário da Agricultura Brasileira. São Paulo: FNP Consultoria e Comércio, 2005. 536 p.
- AHMED, E. M.; YOUNG, C. T. Composition, quality, and flavor of peanuts. In: SMARTT, J. (Org.) **The groundnut crop: a scientific basis for improvement**. London: Chapman and Hall, 1982. p. 655-688.
- CHEVALIER, A. Monographie de l'arachide. **Revue de Botanique Appliquée & D'Agriculture Tropicale**, Paris, v. 13, p. 749-789, 1933.

- CLAY, H. J. **Productos do amendoim**. Washington: União Panamericana, 1938. 26 p.
- COMPANY, M.; STALKER, H. T.; WYNNE, J. C. Cytology and leafspot resistance in *Arachis hypogaea* X wild species hybrids. **Euphytica**, Netherlands, v. 31, p. 885-893, 1982.
- CONAB. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 5 maio 2006.
- CONAGIN, C. H. T. M. Espécies selvagens do gênero *Arachis*. Observações sobre os exemplares da coleção da Seção de Citologia. **Bragantia**, Campinas, SP, v. 21, p. 341-374, 1962.
- FAGUNDES, M. H. **Sementes de amendoim**: alguns comentários. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/download/cas/especiais/Semente-de-Amendoim-INTERNET.pdf>>. Acesso em: 23 set. 2003.
- FÁVERO, A. P. Uso de espécies silvestres no pré-melhoramento do amendoim no Brasil. In: ENCUESTRO INTERNACIONAL DE ESPECIALISTAS EN ARACHIS, 5., Río Cuarto. **Conferencias y poster**: anais... Río Cuarto: Fundación Mani Argentino, 2006. p. 96-101.
- FÁVERO, A. P.; SIMPSON, C. E.; VALLS, J. F. M.; VELLO, N. A. Study of the evolution of cultivated peanut through crossability studies among *Arachis ipaënsis*, *A. duranensis*, and *A. hypogaea*. **Crop Science**, Madison, v. 46, p. 1.546-1.552, 2006.
- FERNÁNDEZ, A.; KRAPOVICKAS, A. Cromosomas y evolución en *Arachis* (Leguminosae). **Bonplandia**, Corrientes, v. 8, n. 1-4, p. 187-220, 1994.
- FREITAS, F. O.; MORETZSOHN, M. C.; VALLS, J. F. M. Genetic variability of Brazilian Indian landraces of *Arachis hypogaea* L. **Genetics and Molecular Research**, v. 6, n. 3, p. 675-684, 2007. [<http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2007/vol3-6/pdf/GMR0347.pdf>]
- GODOY, I. J. Situação do mercado de amendoim para o Brasil e recentes avanços na criação e desenvolvimento de cultivares. In: ENCUESTRO INTERNACIONAL DE ESPECIALISTAS EN ARACHIS, 5., Río Cuarto. **Conferencias y poster**: anais... Río Cuarto: Fundación Mani Argentino, 2006. p. 26-29.
- GODOY, I. J.; MORAES, S. A.; ZANOTTO, M. D.; SANTOS, R. C. Melhoramento do amendoim. In: BORÉM, A. (Org.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 51-94.
- GREGORY, W. C.; GREGORY, M. P. Groundnut. In: SIMMONDS, N. W. (Org.). **Evolution of crop plants**. London: Longman, 1976. p. 151-154.
- GREGORY, W. C.; GREGORY, M. P.; KRAPOVICKAS, A.; SMITH, B. M.; YARBROUGH, J. A. Structure and genetic resources of peanut. In: PATEE, H. E.; YOUNG C. T. (Org.). **Peanut culture and uses**. Stillwater: APREA, 1973. p. 47-133.
- GREGORY, W. C.; KRAPOVICKAS, A.; GREGORY, M. P. Structure, variation, evolution and classification in *Arachis*. In: SUMMERFIELD, R. J.; BUNTING, A. H. **Advances in legume science**. Kew: Royal Botanical Gardens, 1980. v. 1. p. 469-481. Proceedings of the International Legume Conference, Kew, 4 Aug., 1978. Ed. by R.J. Summerfield and A.H. Bunting.
- GUOK, H. P.; WYNNE, J. C.; STALKER, H. T. Recurrent selection within a population from an interspecific peanut cross. **Crop Science**, Madison, v. 26, p. 249-253, 1986.
- HAMMONS, R. O. Origin and early history of peanut. In: PATEE, H. E.; YOUNG.C. I. (Org.). **Peanut science and technology**. Yoakum: APREA, 1982, v. 1. p. 1-18.
- HAMMONS, R. O. The origin and history of the groundnut. In: SMARTT, J. (Org.). **The groundnut crop**: a scientific basis for improvement. London: Chapman and Hall, 1994. p. 24-42.
- HILU, K. W.; STALKER, H. T. Genetic relationships between peanut and wild species of *Arachis* sect. *Arachis* (Fabaceae): evidence from RAPDs. **Plant Systematic Evolution**, Vienna, v. 198, p. 167-178, 1995.

- HUSTED, L. Cytological studies of the peanut *Arachis*. 1. Chromosome number and morphology. **Cytologia**, Tokyo, v. 5, p. 109-117, 1933.
- HUSTED, L. Cytological studies of the peanut *Arachis*. 2. Chromosome number, morphology and behavior, and their application to the problem of the origin of the cultivated forms. **Cytologia**, Tokyo, v. 7, p. 396-423, 1936.
- IAC. **Amendoim**: IAC-Tatu-ST, IAC-22, IAC-5. Campinas, 1999. Folder de lançamento.
- IAC. **Cultivar de amendoim IAC-Caiapó**: menor custo de produção, melhor qualidade. Campinas, 1996. Folder de lançamento.
- KOCKERT, G.; STALKER, H. T.; GIMENES, M.; GALGARO, L.; LOPES, C. R.; MOORE, K. RFLP and cytogenetic evidence on the origin and evolution of allotetraploid domesticated peanut *Arachis hypogaea* (Leguminosae). **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 83, n.10, p. 1.282-1.291, 1996.
- KOCKERT, G.; HALWARD, T.; BRANCH, W. D.; SIMPSON, C. E. RFLP variability in peanut (*Arachis hypogaea* L.) cultivars and wild species. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 81, p. 565-570, 1991.
- KRAPOVICKAS, A. Evolution of the genus *Arachis*. In. MOAV, P. (Org.). **Agricultural, genetics, selected topics**. Jerusalem: NCRD, 1973. p. 135-151.
- KRAPOVICKAS, A. Agricultura indígena en las llanuras de la Cuenca del Plata. **Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria**, Buenos Aires, v. 50, p. 31-45, 1996.
- KRAPOVICKAS, A. El origen y dispersión de las variedades del maní. **Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria**, Buenos Aires, v. 49, p. 18-26, 1995.
- KRAPOVICKAS, A. La colaboración internacional en recursos genéticos: el caso del maní (*Arachis* L.: Leguminosae). In: CONGRESO LATINOAMERICANO DE BOTÁNICA MAR DEL PLATA, 6., 1994, Missouri. **Anais...** Missouri: Missouri Botanical Garden, 1994. 4 p.
- KRAPOVICKAS, A.; GREGORY, W. C. Taxonomía del género *Arachis* (Leguminosae). **Bonplandia**, Corrientes, v. 8, n. 1-4, p. 1-186, 1994.
- KRAPOVICKAS, A. 1998. *Arachis hypogaea* var. *hirsuta* y las relaciones transoceánicas precolombinas. **Anales de la Academia Nacional de Ciências Exactas, Físicas y Naturales**, v. 50, p-211-216, 1998.
- KRISHNA, T. G.; MITRA, R. The probable genome donors to *Arachis hypogaea* L. based on arachin seed storage protein. **Euphytica**, Wageningen, v. 37, p. 47-52, 1988.
- LAVIA, G. I. Estudos cromosômicos en *Arachis* (Leguminosae). **Bonplandia**, Corrientes, v. 9, p. 111-120, 1996.
- LAVIA, G. I. Karyotypes of *Arachis palustris* and *A. praecox* (section *Arachis*), two species with basic chromosome number $x=9$. **Cytologia**, Tokyo, v. 63, p. 177-181, 1998.
- LAVIA, G. I. Relación entre cromosomas "A" y ciclo de vida en especies de la sección *Arachis*. In: ENCUENTRO DE ESPECIALISTAS EN ARACHIS SPP. DE AMERICA LATINA, 2., 1999, Córdoba. **Anais...** Córdoba: INTA, 1999. p. 15.
- PAIK-RO, O. G.; SIMTH, R. L.; KNAUFT, D. A. Restriction fragment length polymorphism of six peanut species within the *Arachis* section. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 84, p. 201-208, 1992.
- PANDE, S.; RAO, J. N. Resistance of wild *Arachis* species to late leaf spot and rust in greenhouse trials. **Plant Disease**, Charleston, v. 85, p. 851-855, 2001.

PEÑALOZA, A. P. S.; VALLS, J. F. M. Chromosome number and satellited chromosome morphology of eleven species of *Arachis* (Leguminosae). **Bonplandia**, Corrientes, v. 14, p. 65-72, 2005.

PEÑALOZA, A. P. S.; VALLS, J. F. M. Contagem do número cromossômico em acessos de *Arachis decora* (Leguminosae). In: SIMPÓSIO LATINO-AMERICANO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS, 1., 1997, Campinas. **Programa e resumos...** Campinas: IAC: EMBRAPA-CENARGEN, 1997. p. 39.

PIZARRO, E. A. *Arachis*: la leguminosa. In: **Hoja Informativa**. Planaltina: Red Internacional de Evaluación de Pastos Tropicales: CIAT: Embrapa-CPAC, 1994. 4 p.

PRINE, G. M. Forage possibilities in the genus *Arachis*. **Proceedings of the Soil and Crop Science Society of Florida**, v. 24, p. 184-196, 1964.

PRÓ-AMENDOIM. **Projeto Abicab**. Disponível em: <<http://www.proamendoim.com.br>>. Acesso em: 5 maio 2006.

PROUS, A. **Arqueologia brasileira**. Brasília, DF: UnB, 1992. 576 p.

QUIMBRASIL. **Amendoim**: do plantio à colheita. São Paulo, 1980, v. 2. 11 p.

RAINA, S. N.; MUKAI, Y. Detection of a variavel number of 18S-5.8S-26S and 5S ribosomal DNA loci by fluorescent in situ hybridization in diploid and tetraploid *Arachis* species. **Genome**, Ottawa, v. 42, p. 52-59, 1999a.

RAINA, S. N.; MUKAI, Y. Genomic in situ hybridization in *Arachis* (Fabaceae) identifies the diploid wild progenitors of cultivated (*A. hypogaea*) and related wild (*A. monticola*) peanut species. **Plant Systematic Evolution**, Vienna, v. 214, p. 251-262, 1999b.

RAINA, S. N.; RANI, V.; KOJIMA, T.; OGIHARA, Y.; SINGH, K. P.; DEVARUMATH, R. M. RAPD and ISSR fingerprints as useful genetic markers for analysis of genetic diversity, varietal identification, and phylogenetic relationships in peanut (*Arachis hypogaea*) cultivars and wild species. **Genome**, Ottawa, v. 44, p. 763-772, 2001.

ROBLEDO, G.; SEIJO, G. Characterization of the *Arachis* (Leguminosae) D. genome using fluorescence *in situ* hybridization (FISH) chromosome markers and total genome DNA hybridization. **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, p. 717-724, 2008.

SEIJO, J. G.; LAVIA, G. I.; FERNÁNDEZ, A.; KRAPOVICKAS, A.; DUCASSE, D.; MOSCONE, E. Physical mapping of the 5S and 18S-25S rRNA genes by FISH as evidence that *Arachis duranensis* and *A. ipaënsis* are the wild diploid progenitors of *A. hypogaea* (Leguminosae). **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 91, n. 9, p. 1.294-1.303, 2004.

SIMPSON, C. E. Pathways for introgression of pest resistance into *Arachis hypogaea* L. **Peanut Science**, Stillwater, v. 18, p. 22-26, 1991.

SIMPSON, C. E. Use of wild *Arachis* species/introgression of genes into *A. hypogaea*. **Peanut Science**, Stillwater, v. 28, n. 2, p. 114-116, 2001.

SIMPSON, C. E.; KRAPOVICKAS, A.; VALLS, J. F. M. History of *Arachis* including evidence of *A. hypogaea* L. progenitors. **Peanut Science**, Stillwater, v. 28, n. 2, p.78-80, 2001.

SIMPSON, C. E.; STARR, J. L. Registration of 'Coan' peanut. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 918, 2001.

SINGH, A. K. Putative genome donors of *Arachis hypogaea* (Fabaceae), evidence from crosses with synthetic amphidiploid. **Plant Systematic & Evolution**, Vienna, v. 160, p. 143-151, 1988.

SINGH, A. K. Utilization of wild relatives in the genetic improvement of *Arachis hypogaea* L. Synthetic amphidiploids and their importance in interspecific breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 72, p. 433-439, 1986.

- SINGH, A. K.; SMARTT, J. The genome donors of the groundnut/peanut (*Arachis hypogaea* L.) revisited. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Netherlands, v. 45, p.113-118, 1998.
- SMARTT, J.; GREGORY, W. C.; GREGORY, M. P. The genomes of *Arachis hypogaea*. 1. Cytogenetic studies of putative genome donors. **Euphytica**, Netherlands, v. 27, p. 665-675, 1978.
- STALKER, H. T. A new species in section *Arachis* of peanuts with a D genome. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 78, n. 5, p. 630-637, 1991.
- STALKER, H. T. Utilizing wild species for crop improvement. In: STALKER, H. T.; CHAPMAN, C. (Ed.). **Scientific management of germplasm: characterization, evaluation and enhancement**. Rome: International Board for Plant Genetic Resources, 1989. p. 139-154. (IBPGR Training Courses: Lecture Series, 2).
- STALKER, H. T.; DHESI, J. S.; PARRY, D. C.; HAHN, J. H. Cytological and interfertility relationships of *Arachis* Section *Arachis*. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 78, n. 2, p. 238-246, 1991.
- STALKER, H. T.; MOSS, J. P. Speciation, cytogenetics and utilization of *Arachis* species. **Advances in Agronomy**, Newark, v. 41, p. 1-40, 1987.
- STEBBINS, G. L. **Chromosomal evolution in higher plants**. Reading: Addison-Wesley, 1971. 216 p.
- TALLURY, S. P.; STALKER, H. T.; PATEE, H. E. Early reproductive ontogeny in interspecific crosses of *Arachis hypogaea* and Section *Arachis* species. **Annals of Botany**, Oxford, v. 76, p. 397-404, 1995.
- VALLS, J. F. M. Collection of *Arachis* germplasm in Brasil. **Plant Genetic Research Newsletter**, Roma, v. 53, p. 9-14, 1983.
- VALLS, J. F. M. O gênero *Arachis* (Leguminosae): importante fonte de proteínas na pré-história sul-americana? In: REUNIÃO CIENTÍFICA DA SOCIEDADE DE ARQUEOLOGIA BRASILEIRA, 8, 1995, Porto Alegre, **Anais... EDIPUCRS**, 1996, p. 265-280. [Coleção Arqueologia, n. 1, v. 2, p. 265-280, 1996].
- VALLS, J. F. M. Recursos genéticos de *Arachis*: avanços no conhecimento botânico e a situação atual de conservação e uso. **Agrociencia**, Montevideo, v. 9, n. 1-2, p. 123-132, 2005.
- VALLS, J. F. M.; PIZARRO, E. A. Collection of wild *Arachis* germplasm. In: KERRIDGE, P. C.; HARDY, B. **Biology and agronomy of forage *Arachis***. Cali: CIAT, 1993. p. 19-27.
- VALLS, J. F. M.; SIMPSON, C. E. New species of *Arachis* (Leguminosae) from Brasil, Paraguay and Bolivia. **Bonplandia**, Corrientes, v. 14, n. 1-2, p. 35-63, 2005.
- VALLS, J. F. M.; SIMPSON, C. E. Taxonomy, natural distribution, and attributes of *Arachis*. In : KERRIDGE, P. C.; HARDY, B. **Biology and agronomy of forage *Arachis***. Cali: CIAT, 1994. p. 1-18.
- VANNI, R. O. Estudios taxonómicos en el género *Stylosanthes* (Aeschynomeneae – Leguminosae), en América y sus relaciones con *Arachis*. In: ENCUENTRO INTERNACIONAL DE ESPECIALISTAS EN ARACHIS, 5., Río Cuarto. **Conferencias y poster: anais...** Río Cuarto: Fundación Mani Argentino, 2006. p. 50-51.
- VEIGA, R. F. A.; VALLS, J. F. M.; LOPES, C. R. Identification key to Brazilian populations of wild peanut, *Arachis sylvestris* (A.Chev.) A.Chev. **Plant Genetic Resources Newsletter**, Rome, v. 107, p. 23-27, 1996.
- VEIGA, R. F. A. **Caracterização morfológica e isoenzimática em populações de *Arachis sylvestris* (A.Chev.) A.Chev.** 1994. 222 f. Tese (Doutorado em Genética) - Departamento de Genética, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP, Botucatu.
- VEIGA, R. F. A.; VALLS, J. F. M. Coleta de germoplasma de amendoim no Nordeste do Brasil. **O Agrônomo**, Campinas, v. 34, p.31-36, 1982.

VEIGA, R. F. A.; VALLS, J. F. M.; TOMBOLATO, A. F. C.; BARBOSA, W. ; PIRES, E. G. Amendoius silvestres para uso ornamental. **Revista Brasileira de Horticultura Ornamental**, Campinas, v. 9, n. 1, p. 7-15, 2003.

WILLIAMS, D. E. Aboriginal farming system provides clues to peanut evolution. In: PICKERSGILL, B.; LOCK, J. M. **Legumes of economic importance**. Kew: Royal Botanic Gardens. 1996 p.11-17. (Advances in Legume Systematics, 8).

WILLIAMS, D. E. La historia mundial del maní : Cuál sera su futuro? In: ENCUENTRO INTERNACIONAL DE ESPECIALISTAS EN *ARACHIS*, 5., Río Cuarto. **Conferencias y poster: anais...** Río Cuarto: Fundación Mani Argentino, 2006. p. 88-95.



Araucária

Evolução, ontogênese e diversidade genética

Foto: Eugenio Barbieri



Araucária

Miguel Pedro Guerra
Neusa Steiner
Adelar Mantovani
Rubens Onofre Nodari
Maurício Sedrez dos Reis
Karine Louise dos Santos

A espécie *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze é uma conífera nativa do Sul do Brasil que apresenta grande importância econômica e ecológica. Sua intensa exploração ao longo do século passado, associada à ausência de programas de melhoramento e de conservação, fez com que restassem apenas alguns remanescentes, estimados em 2 % da área original (GUERRA et al., 2002). Esse cenário propiciou a inclusão da espécie como espécie vulnerável e, mais recentemente, em perigo de extinção na lista oficial das plantas brasileiras ameaçadas.

Atualmente, nota-se uma crescente demanda pela conservação e pelo uso sustentável dos recursos genéticos florestais, o que confere importância ao aprofundamento de estudos em várias áreas do conhecimento, notadamente naqueles relacionados com a estrutura genética de populações naturais. Para definir e estabelecer estratégias mais adequadas de conservação e de sistemas de manejo da floresta, também é importante conhecer a repercussão

da fragmentação sobre a variabilidade genética remanescente, que seria uma medida quantitativa aproximada da erosão genética. Assim, a partir de informações sobre a estrutura genética, poder-se-á definir as melhores estratégias para a conservação e a utilização dos recursos genéticos (GUERRA et al., 2002).

Para que a conservação dos recursos genéticos vegetais seja eficiente, torna-se importante o conhecimento da biologia da espécie e da dinâmica e estrutura das populações. Além disso, é necessário estabelecer sistemas de manejo que proporcionem à espécie e ao ecossistema a expressão de seu potencial evolutivo, bem como aprofundar o conhecimento da magnitude e organização da variabilidade genética, que determina o tamanho e a localização das áreas a serem conservadas, assim como a necessidade de expansão da base genética, mediante a incorporação de novos elementos ou complexos genéticos (GUERRA et al., 2002).

Nesse contexto, *A. angustifolia* é uma das espécies nativas que vem despertando interesse quanto aos estudos de melhoramento e de conservação genética, por intermédio do estabelecimento de coleções de germoplasma in situ e ex situ. Assim, se faz necessário o desenvolvimento de técnicas que permitam consolidar essas coleções, de maneira a garantir a continuidade da espécie, bem como a recomposição dos fragmentos de populações naturais e o uso e manejo sustentável da espécie.

Filogenia de Araucariaceae

O registro fóssil mostra que as gimnospermas podem ter derivado de várias linhas evolutivas (polifiléticas), o que pode ser uma das dificuldades para a caracterização dos fósseis (DUTRA et al., 2002). Para sua origem, em vez das Cordaitales, inicialmente propostas, são apontadas as progimnospermas (STEWART, 1987) ou as pteridospermas (TAYLOR; TAYLOR, 1993). Por sua vez, entre elas estaria a

ancestralidade da maior parte dos *taxa* modernos, inclusive as angiospermas (WHITE, 1990).

A família Araucariaceae engloba, aproximadamente, 40 espécies, divididas em três gêneros: *Araucaria*, *Agathis* e *Wollemia*. Análises moleculares confirmam que cada um desses gêneros é monofilético (CODRINGTON et al., 2005; GILMORE; HILL 1997; GRAHAM et al., 1996, SETOGUCHI et al., 1998). Contudo, a relação filogenética entre eles ainda não está elucidada. A partir da análise de *rbcl* (gene da Ribulose bifosfato carboxilase) identificou-se *Wollemia* (SETOGUCHI et al., 1998) ou *Araucaria* (GILMORE; HILL 1997) como um grupo basal. Contudo, a análise do 18S rDNA sugeriu *Agathis* como o grupo basal (CODRINGTON et al., 2005). Portanto, o mais apropriado é que *Araucaria*, *Agathis* e *Wollemia* sejam considerados como grupos irmãos, de igual importância.

A classificação seccional está baseada em características taxonômicas, tais como a morfologia da folha, a disposição dos cones masculinos e femininos, a morfologia da escama, o tipo de germinação e a morfologia da plântula, e é suportada por recentes análises moleculares (CODRINGTON et al., 2005; GRAHAM et al., 1996, SETOGUCHI et al., 1998) – Fig. 1.

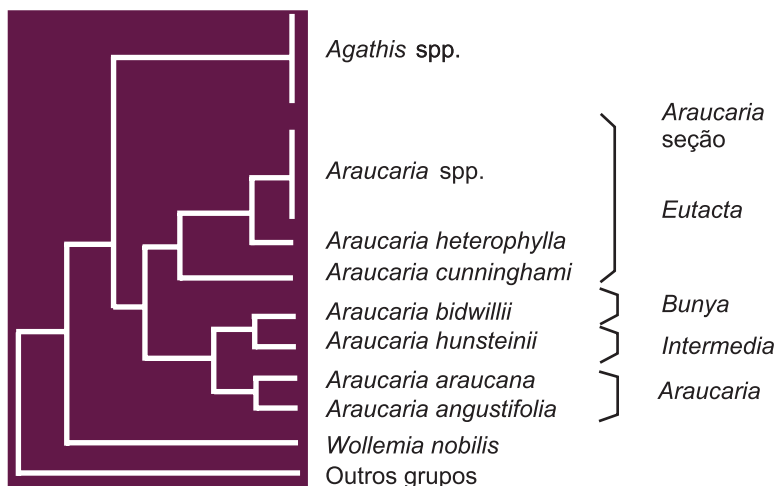


Fig. 1. Filogenia de Araucariaceae (KERSHAW; WAGSTAFF, 2001).
Fonte: Adaptado de Setoguchi et al. (1998).

Biogeografia de *Araucaria*

A partir do final do Paleozóico, um grupo de plantas passou a ocupar gradativamente as áreas continentais do planeta. (DUTRA et al., 2002). Entre os vegetais, o sucesso desse empreendimento deveu-se à aquisição e evolução de duas importantes estruturas: o grão de pólen, capaz de ser levado pelo vento aos gametas femininos, modificados para recebê-lo, e a presença de uma semente mais elaborada (STEWART, 1987).

A origem da semente está intimamente ligada à conquista dos ambientes terrestres. As plantas produtoras de esporos não podiam completar seu ciclo de vida em ambientes terrestres mais inóspitos e áridos, uma vez que são dependentes de água para completar o ciclo reprodutivo, ficando limitadas a áreas próximas à linha da costa (IANNUZZI; VIEIRA, 2005). Um passo fundamental da evolução é que toda a parte do ciclo reprodutivo, que ocorria em ambiente externo, passa a ocorrer sobre o esporófito, e a dispersão ocorre depois do desenvolvimento da semente.

Dessa forma, o evento considerado mais importante na evolução das plantas vasculares foi o aparecimento da semente, fato esse que ocorreu um pouco antes do término do Devoniano. A semente é formada por um corpo central, o nucelo (homólogo ao megasporângio), e coberta por uma ou duas camadas de revestimento e de proteção, os integumentos. Essa estrutura permitiu o surgimento de um novo grau evolutivo entre os vegetais, o das gimnospermas (*gimnos* = nua; *sperma* = semente), assim chamadas porque ainda lhes faltava o fruto, estrutura de recobrimento característica das angiospermas ou plantas com flores (STEWART, 1987).

A maior independência da água garantiu às gimnospermas seu grande sucesso adaptativo no Mesozóico, um período caracterizado não somente por extensas e contínuas áreas de terra favorecedoras da dispersão, mas também pela

existência de áreas secas e quentes no interior. Durante esse tempo da história da Terra, numerosos grupos de plantas, especialmente as coníferas, espalharam-se por ambos os hemisférios (DUTRA; STRANZ, 2000), situação essa considerada bastante distinta daquela que caracteriza seus grupos modernos (DUTRA et al., 2002).

A partir do final do Triássico, inicia-se o segundo momento significativo da vida das gimnospermas (ANDERSON; ANDERSON, 1998). Sua diversidade é tão expressiva em tipos e órgãos preservados, que poderia ser comparada com a atualidade, suscitando grandes dúvidas sobre os modelos evolutivos de diversidade crescente. Os fósseis, embora de difícil atribuição taxonômica, por causa da combinação de caracteres de diferentes famílias modernas (STOCKEY, 1990), permitem avaliar a presença das Cycadophyta, Ginkgophyta e de muitos grupos de Coniferophyta (Araucariaceae, Podocarpaceae, Cupressaceae e Cheirolepidiaceae).

As Coniferophyta são o grupo moderno mais abundante de gimnospermas e, também, de distribuição mais ampla. Conhecidas popularmente como “pinheiros”, parecem ter sido as únicas a resistir à pressão exercida pela chegada das angiospermas, refugiando-se em nichos onde estas últimas não se adaptavam tão bem (DUTRA et al., 2002). A partir do Terciário, com a separação dos continentes e o surgimento de condições globais menos aquecidas, esse grupo passou a se distribuir preferencialmente em latitudes subtropicais e temperadas ou em altitude, em zonas caracterizadas pela presença de boa umidade atmosférica (DUTRA; STRANZ, 2000; ENRIGHT; HILL, 1995). Modernamente, algumas famílias são dominantes ou exclusivamente austrais – Araucariaceae, Podocarpaceae e Cupressaceae – enquanto outras são exclusivas – Pinaceae, Ginkgoaceae, Cephalotaxaceae – ou predominam nas latitudes setentrionais – Taxodiaceae e Taxaceae (TAYLOR; TAYLOR, 1993; ENRIGHT; HILL, 1995).

Distribuição natural de *Araucaria angustifolia*

A família Araucariaceae está distribuída principalmente no Hemisfério Sul, ocorrendo na Nova Caledônia, na Nova Guiné, na Austrália, na Nova Zelândia e na América do Sul (SETOGUCHI et al., 1998). Na América do Sul, as principais espécies são: *Araucaria araucana* e *Araucaria angustifolia*. Esta última também é conhecida como pinheiro-do-paraná, pinheiro brasileiro, araucária ou simplesmente pinheiro (SHIMIZU; OLIVEIRA, 1981). A espécie *A. angustifolia* ocorre naturalmente no Brasil e em pequenas manchas na Argentina e no Paraguai e fica localizada entre as latitudes 19°15'S e 31°30'S e entre as longitudes 41°30'W e 54°30'W. No Brasil, a área original, de formato irregular, foi de cerca de 200 mil quilômetros quadrados, e o seu ecossistema original, a Floresta Ombrófila Mista, chegou a ocupar cerca de 20 milhões de hectares (SEITZ, 1986). Essa espécie, dominante no referido ecossistema, distribuiu-se principalmente nos estados do Paraná, de Santa Catarina e do Rio Grande do Sul, em 40 %, 31 % e 25 % de suas superfícies, respectivamente. Manchas esparsas são ainda observadas no sul de São Paulo (3 %), internando-se até o sul de Minas Gerais e o Estado do Rio de Janeiro, em áreas de altitude superior a 500 m (1 %) (CARVALHO, 1994) – Fig. 2.



Fig. 2. Ocorrência natural de florestas com *Araucaria angustifolia*.

Fonte: Adaptado de Guerra et al. (2002).

Morfologia e biologia reprodutiva

A planta jovem apresenta copa cônica, com ramos primários cilíndricos, curvados para cima e ramos inferiores maiores que os superiores. Plantas adultas apresentam a copa em forma de taça, com tronco geralmente cilíndrico e reto, raramente ramificado, coberto por casca grossa e resinosa (CARVALHO, 1994). A árvore adulta pode atingir de 20 m a 50 m de altura e de 150 cm a 250 cm de diâmetro, à altura do peito (REITZ; KLEIN, 1966). Os verticilos se ramificam em abundantes ramos secundários constituindo as grimpas, que vão se adensar no ápice do caule e formar, nas árvores adultas, uma copa típica em forma de candelabro, umbela ou corimbo (REITZ et al., 1978).

As folhas verticiladas, concentradas na porção terminal dos galhos, medem de 15 mm a 80 mm de comprimento e de 6 mm a 35 mm de largura e possuem numerosas nervuras finas, que se estendem da base ao ápice, sem nervura central (REITZ; KLEIN, 1966).

A. angustifolia é uma espécie dióica, raramente monóica por trauma ou doenças, com estruturas unissexuadas (REITZ; KLEIN, 1966). A estrutura reprodutiva masculina apresenta de 10 cm a 15 cm de comprimento e é constituída por escamas coriáceas com 10 a 25 anteras alongadas, presas na fase ventral de cada escama. As escamas encontram-se arrançadas em forma de espiral e se abrem deixando o pólen livre para ser transportado pelo vento até o estróbilo feminino. A estrutura reprodutiva feminina (pinha) localiza-se no ápice do ramo e é constituída por inúmeras brácteas coriáceas com o óvulo, inseridas sobre um eixo central – Fig. 3 – (REITZ; KLEIN, 1966).

O mecanismo de polinização das coníferas modernas parece ter originado de coníferas primitivas *Ulmania* e *Pseudovoltzia* (SINGH, 1978). Duas séries evolucionárias são reconhecidas nessas famílias e são relacionadas a quatro principais modificações: a) perda da gota polinizadora;

b) desenvolvimento da micrópila estigmática para a recepção do pólen; c) redução e eventual perda do pólen alado; d) germinação do pólen por meio da nucela (SINGH, 1978). Em *Araucaria*, o pólen é depositado em qualquer lugar da escama do cone feminino e inicia a germinação in situ (Fig. 3). Aparentemente, a umidade das escamas, presente nos cones femininos, é suficiente para causar a germinação do pólen. A nucela e a micrópila, aparentemente, produzem as mesmas substâncias quimiotrópicas, as quais causam o crescimento do tubo polínico em sua direção, independentemente da posição do grão do pólen (Sib NGH, 1978). No Brasil, no Estado de São Paulo, foi observado que o período de polinização ocorre nos meses de agosto e setembro (MANTOVANI et al., 2004), contudo, no Sul do Brasil, a amplitude pode ser maior, dependendo das condições climáticas.

Quanto à dispersão de sementes, os principais atores são aves e roedores. Entre as aves, está a gralha azul (*Cyanocorax chrysops*) e também o papagaio-de-peito-ruivo (*Amazona vinacea*) (SOLÓRZANO-FILHO; KRAUS, 1999; CARVALHO, 2003). Entre os roedores, os principais agentes de disseminação são: a cutia (*Dasyprocta azarae*), o rato-do-mato (*Oryzomys ratticeps*), a paca (*Agouti paca*), o ouriço (*Coendu villosus*) e o esquilo brasileiro (*Sciurus aestuans*) (MATTOS, 1994; CARVALHO, 2003).

Embriologia em coníferas

Em *A. angustifolia*, não foi ainda determinado com exatidão o momento exato da fertilização. Sabe-se que, após a polinização, transcorrem 14 meses até a identificação dos poliembriões totalmente formados, imediatamente antes do início da regressão dos embriões subordinados (MANTOVANI et al., 2004; STEINER, 2005). Após a fertilização, uma característica da embriogênese inicial em *Araucariaceae* é a ocorrência de divisões nucleares, e o

número de núcleos livres varia de 32 a 64 antes do início da formação das paredes celulares. A alongação começa simultaneamente em ambos os grupos de células superiores e inferiores, imediatamente após a completa formação da parede celular. O grupo de células inferiores está destinado a formar as células de capa (Cc). O grupo de células superiores produz as células do suspensor (Cs). Essas células dividem-se longitudinalmente para incrementar em torno de 20 vezes o número de células iniciais. O grupo central de células constitui um grupo de células embriogênicas (Ce), que permanecem inativas até o completo desenvolvimento das células de suspensor – Fig. 3 – (BURLINGAME, 1915; JOHANSEN, 1950).

A embriogênese em *A. angustifolia* é caracterizada pela presença de poliembriões (Fig. 3), ou seja, ocorre o desenvolvimento de três a quatro proembriões a partir de um óvulo. A poliembrionia é um fenômeno comum nas coníferas, sendo definida pela presença de mais de um embrião nos estágios iniciais de desenvolvimento da semente, porém apenas um embrião permanece na semente madura. Existem dois tipos de poliembrionia: polizigótica e por clivagem. Em muitos gêneros de *Pinus*, ocorrem os dois tipos de poliembrionia, nos quais, primeiramente por poliembrionia polizigótica, dois ou mais óvulos são fecundados em um mesmo megagametófito, produzindo separadamente proembriões, ou seja, cada arquegônio produz um único proembrião. Posteriormente, cada proembrião formado sofre a poliembrionia por clivagem e gera até oito proembriões. Em espécies do gênero *Araucaria*, foi observada apenas a poliembrionia polizigótica (GIFFORD; FOSTER, 1989). Segundo Johansen (1950), a presença de células de capa em Araucariaceae pode ter, entre outras funções, a de prevenção da poliembrionia por clivagem.

Em *A. angustifolia*, o desenvolvimento do embrião ocorre de acordo com o desenvolvimento clássico estabelecido para Coniferophyta por Singh (1978). Três fases podem

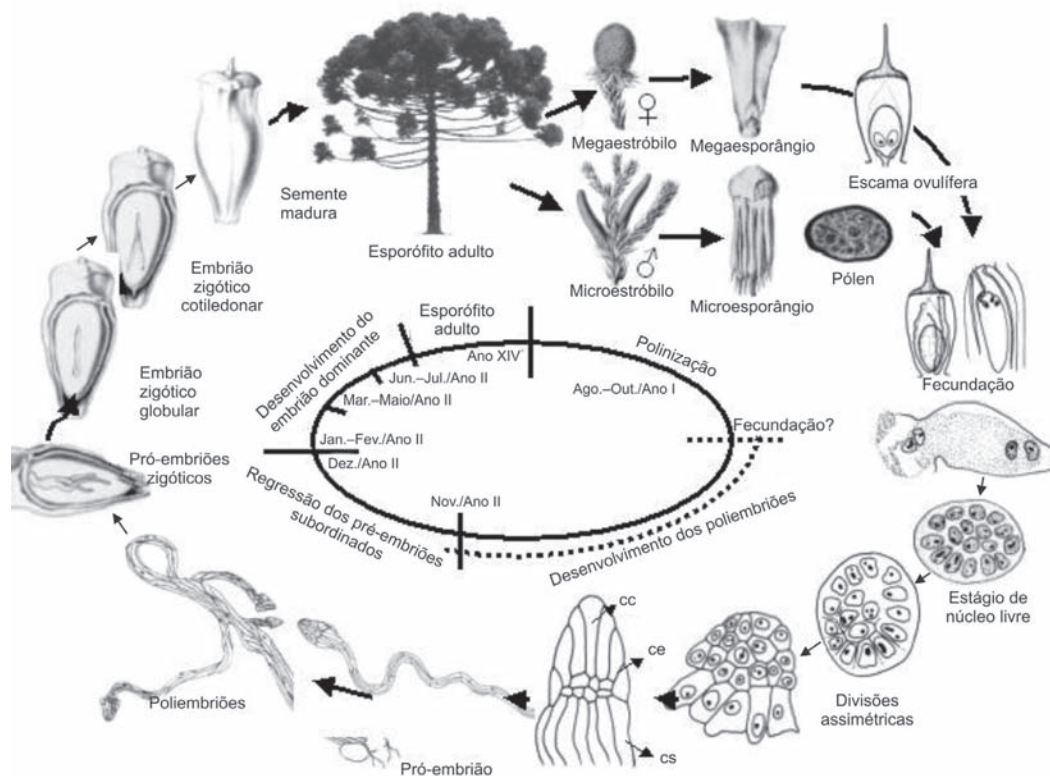


Fig. 3. Ciclo de vida de *Araucaria angustifolia*. É uma espécie dióica, com estrutura reprodutiva masculina (microestróbilo), constituída por escamas coriáceas arranjadas em forma de espiral, que se abrem deixando o pólen livre para ser transportado pelo vento. A estrutura reprodutiva feminina (megaestróbilo) localiza-se no ápice do ramo e é constituída por inúmeras brácteas coriáceas que contêm o óvulo (escama ovulífera). O pólen é depositado em qualquer lugar da escama do cone feminino e inicia a germinação in situ. O período de polinização ocorre nos meses de agosto e setembro. O momento exato da fecundação não foi ainda determinado. Nos estágios iniciais da embriogênese, as divisões nucleares formam de 32 a 64 núcleos livres antes da formação das paredes celulares. Em seguida, a elongação celular inicia-se, simultaneamente, em ambos os grupos de células superiores e inferiores, imediatamente após a completa formação da parede celular. O grupo de células inferiores forma as células de capa (Cc). O grupo de células superiores forma as células do suspensor (Cs). O grupo central de células constitui um grupo de células embriogênicas (Ce). Esses três grupos de células constituem o proembrião. Após a polinização, transcorrem 14 meses até a identificação dos poliembrões, caracterizando a poliembrião, ou seja, a formação de mais de um embrião nos estágios iniciais de desenvolvimento da semente. Contudo, apenas um embrião permanece na semente madura, e a regressão dos embriões subordinados ocorre entre os meses de novembro e dezembro. O desenvolvimento do embrião dominante de *A. angustifolia* ocorre entre os meses de dezembro e junho, passando pelos estágios de desenvolvimento globular, pré-cotiledonar e cotiledonar maduro. Após a germinação, a planta leva em torno de 15 anos para entrar em idade reprodutiva.

ser reconhecidas: a) pró-embriônica (estágios antes do alongamento do suspensor), que vai desde a fertilização até o rompimento da arquegônia pelo proembrião; b) embriônica inicial, que compreende os estágios após o alongamento do suspensor e antes do estabelecimento dos meristemas; c) embriônica tardia, na qual protoderme e procâmbio são diferenciados, e os meristemas apical e radicular são estabelecidos (JOHANSEN, 1950, HAINES; PRAKASH, 1980). Estudos morfológicos da fase pró-embriônica do desenvolvimento embriônico em *Araucaria* spp. sugerem que esse gênero é um dos mais primitivos (HAINES; PRAKASH, 1980). Esses autores assinalam, na letra a, a fase de núcleo livre prolongada, em que 32–64 núcleos podem estar presentes antes de as paredes celulares serem formadas, na b, o desenvolvimento do suspensor e a presença das células da capa e, na c, a ausência de clivagem do proembrião como as principais diferenças encontradas no desenvolvimento do proembrião em *Araucaria* spp., se comparado com outras coníferas consideradas evolutivamente superiores, tais como Cupressaceae, Pinaceae e Taxodiaceae (HAINES; PRAKASH, 1980).

No Sul do Brasil, o desenvolvimento do embrião dominante de *A. angustifolia* ocorre entre os meses de dezembro e junho, passando pelos estágios de desenvolvimento globular, pré-cotiledonar e cotiledonar maduro – Fig. 3 – (STEINER, 2005). Contudo, a partir do mês de março, já são encontradas sementes maduras. A diferença nos estágios de maturação dos cones femininos pode ser explicada pelo fato de *A. angustifolia* ser uma espécie nativa e não domesticada, possivelmente, com duas ou mais variedades botânicas coabitando em uma mesma região (REITZ; KLEIN, 1966). Nessas variedades, os eventos reprodutivos resultam em diferentes estágios de desenvolvimento dos embriões. Após a germinação, a planta leva em torno de 15 anos para entrar novamente em idade reprodutiva (CARVALHO, 2003).

Exploração

As condições climáticas úmidas resultaram na expansão das florestas com *A. angustifolia* nos últimos mil anos no Sul do Brasil (BEHLING, 2002). Contudo, a maior redução antropogenética nas populações dessa espécie ocorreu durante os últimos dois séculos, em decorrência da alta qualidade da sua madeira (HUECK, 1972; HAMPP et al., 2000).

A madeira de *A. angustifolia* contém 58,3 % de celulose, 28,5 % de lignina e possui fibras longas de alto rendimento em celulose, que produz papel de ótima qualidade. A madeira serrada e laminada de *A. angustifolia* foi, por um longo período, um dos produtos mais importantes na exportação brasileira. A semente conhecida como pinhão é muito apreciada na alimentação humana, bem como de animais domésticos e da fauna silvestre, os quais também são responsáveis pela sua dispersão (MATTOS, 1994). Também se destaca seu uso para energia, artesanato, fins medicinais e paisagístico (CARVALHO, 2003).

A devastação de *A. angustifolia* deu-se em três etapas consecutivas (LABORIAU; MATTOS FILHO, 1948). A primeira consistiu no desbaste exclusivo dos pinheiros de valor comercial. A segunda, no corte das árvores – numerosas e de madeira excelente –, que restaram após a primeira devastação. A terceira, no que sobrou das queimadas, visando transformar em agrícola ou pecuária uma região que era madeireira por força da natureza. Muitas vezes, porém, o fogo realizou o processo inteiro de destruição, queimando o pinhal sem aproveitamento.

A exploração dessa espécie se intensificou a partir de 1934 e teve seu auge nas décadas de 1950 a 1970 (SHIMIZU; OLIVEIRA, 1981), quando essa exploração correspondia a 90 % de cerca de um milhão de metros cúbicos de madeira exportada pelo Brasil (HUECK, 1972). Estima-se que, entre 1958 e 1987, exportaram-se mais de 15 milhões de metros cúbicos de madeira, em sua maioria de

A. angustifolia, sendo esse o produto madeireiro mais importante do Brasil até a década de 1970 (SEITZ, 1986). Atualmente, os remanescentes dessa espécie estão estimados em 2 % da área original (GUERRA et al., 2002) – Fig. 4.



Fig. 4. Área de ocorrência atual de *Araucaria angustifolia*.

Fonte: Adaptado de Guerra et al. (2002).

Em virtude do intenso desmatamento e do consumo sem preocupações com o manejo e a conservação, a produção de madeira tendeu ao esgotamento das reservas naturais e prejudicou o abastecimento de matéria-prima para a indústria, alterando a fisionomia de extensas áreas no Sul do Brasil. Para contornar a falta de matéria-prima, iniciaram-se programas de reflorestamento utilizando essências exóticas, especialmente as do gênero *Pinus*, as quais ocuparam as áreas de ocorrência natural de *A. angustifolia* (GUERRA et al., 2002).

Além do valor econômico, essa espécie tem importante função ecológica no seu ecossistema de origem, a Floresta Ombrófila Mista, onde é a espécie dominante. Um de seus produtos, o pinhão, é alimento para diversos mamíferos e

aves, como aqueles citados anteriormente como dispersores (REITZ; KLEIN, 1966; SOLÓRZANO-FILHO, 2001). Além disso, a espécie propicia ambiente para o desenvolvimento de dezenas de espécies vegetais em seu caule e galhos e no dossel inferior, sombreado por sua copa (MATTO, 1994).

Regeneração natural

Embora a espécie esteja sendo classificada como criticamente em perigo (CR) pela IUCN (The World Conservation Union), poucos trabalhos sobre sua regeneração em ambientes naturais foram realizados. As informações da literatura sobre a regeneração natural de *A. angustifolia* indicam comportamento variado para essa característica. Possivelmente, associado à variação de ambientes de ocorrência e de locais estudados.

Considerando a espécie *A. angustifolia* como pioneira e heliófita, Reitz e Klein (1966) julgaram que essa espécie está inserida em ambiente florestal caracterizado por evidente desequilíbrio dinâmico e, conseqüentemente, em constantes estágios evolutivos. Vale ressaltar que os mesmos autores descrevem a dinâmica de *A. angustifolia* em várias formações florestais e destacam dois comportamentos distintos: a) avanço e irradiação dos pinheiros sobre os campos; b) recuo dos pinhais na mata branca, tanto Atlântica como do oeste (REITZ; KLEIN, 1966), ou seja, as áreas de contato da Floresta Ombrófila Densa e da Floresta Estacional Decidual (Matas Brancas) com a Floresta Ombrófila Mista (Mata Preta).

Considerando seu comportamento em termos de estágios sucessionais, a espécie *A. angustifolia* tende a se expandir sobre os campos de altitude a fim de reduzir a competição das espécies arbóreas constituintes da Floresta Estacional do Paraná-Uruguai e a Floresta Ombrófila Densa da Costa Atlântica, as quais invadem os sub-bosques mais abertos e impedem, dessa forma, a regeneração natural de

A. angustifolia (KLEIN, 1960). As formações mistas, com espécies folhosas, apresentando densos sub-bosques, dificultam a regeneração natural da *A. angustifolia* (Shimizu et al., 2000). Essas considerações indicam que a espécie apresenta menor capacidade competitiva para ocupação em ambientes de transição entre tipologias florestais, locais em que as folhosas são mais agressivas na ocupação do espaço. Segundo Vieira (1990), no sul de Minas Gerais, a espécie *A. angustifolia* é incapaz de auto-regeneração natural nos ecossistemas nativos da região, e sua sobrevivência depende da reprodução artificial em viveiros.

Observações feitas por Backes (1983) e Ferreira e Irgang (1979) sugerem que as plântulas desenvolvem-se melhor em condições de sombreamento moderado. Soares (1979) também não considera *A. angustifolia* uma espécie pioneira, muito menos clímax, estando numa posição intermediária dentro de uma escala de sucessão. Segundo o autor, essa espécie necessita de algum distúrbio para se regenerar naturalmente. Trabalhos de Inoue et al. (1979) e Inoue e Torres (1980), ao avaliarem o desenvolvimento de plântulas de *A. angustifolia* sob diferentes intensidades luminosas, concluíram que, como a espécie possui mecanismos fisiológicos para a adaptação às condições de luz ambiental, sua regeneração natural pode ser favorecida com a abertura do dossel da floresta. Duarte e Dillenburg (2000), ao estudarem algumas respostas ecofisiológicas de plântulas de *A. angustifolia* sobre diferentes níveis de irradiação solar, verificaram que as plântulas expostas a um nível médio ou alto de luz apresentavam um crescimento normal, pelo menos para os estágios iniciais de desenvolvimento. Já em condições de pouca luz, as plântulas apresentavam maior altura com aparente estiolamento. Reitz et al. (1978), ao considerarem *A. angustifolia* uma espécie pioneira e heliófita, também reportam à luz um papel importante para regeneração da espécie. Embora Soares (1979) em seu trabalho não considere *A. angustifolia* uma espécie pioneira, o autor sugere que ela necessita de ambiente com algum distúrbio para se regenerar naturalmente e a define como

espécie série. Esse posicionamento dentro dos estágios de sucessão explicaria a ausência de regeneração natural em povoamentos naturais de *A. angustifolia*, onde a sucessão evolui naturalmente, sem nenhum distúrbio que possa perpetuar estágios interme-diários. Assim, a espécie não apresenta certas características fundamentais de pioneiras nem de clímax (SOARES, 1979).

Buscando esclarecer melhor essa questão sobre o papel da luz na regeneração da *A. angustifolia*, constatou-se que a espécie apresenta tolerância à sombra em ambiente natural (DUARTE et al., 2002), indicando que não é estritamente heliófita e pioneira, podendo se estabelecer em condições de sub-bosque. Contudo, aponta-se para a necessidade de mais estudos sobre fatores ecológicos, como a predação e a competição, existentes para a regeneração da espécie.

Indicando comportamento semelhante a outras espécies tropicais, Solórzano-Filho (2001) estudou a demografia de uma população de *A. angustifolia* em Campos do Jordão, SP, e verificou que a estrutura demográfica, na área estudada, apresenta comportamento J-invertido, diferente do comportamento encontrado em outros estudos que indicam regeneração pobre ou ausente dentro da floresta.

Observações feitas ao longo dos últimos anos nos campos da Serra Catarinense sugerem que *A. angustifolia* regenera-se com boa densidade nos ambientes antropizados, semelhante ao que Reitz e Klein (1966) descrevem para o avanço dos pinhais sobre o campo. A fragmentação evidente da floresta e a ação antrópica em diferentes intensidades nos ambientes naturais têm gerado uma ampla variação de ambientes. Esses ambientes estão em plena sucessão florestal e mostram a presença de *A. angustifolia*. Tal fato sugere que estudos detalhados desse comportamento podem levar a manutenção da espécie e a seu uso racional.

Não menos importante é o fato de que as populações remanescentes encontram-se degradadas, em virtude da remoção das árvores de melhor qualidade para a extração

da madeira. Conseqüentemente, a qualidade da regeneração natural, obtida a partir dessas populações, pode não mais apresentar a mesma capacidade de estabelecimento.

Além disso, um fator que tem limitado a ampliação das populações naturais de *A. angustifolia* é o deturpado entendimento da legislação (Resolução 278/2001 do Conselho Nacional do Meio Ambiente – Conama). Essa norma suspende as autorizações de manejos florestais para corte e exploração de espécies ameaçadas de extinção em todo o território nacional, até que sejam estabelecidos critérios técnicos, cientificamente embasados, que garantam a sustentabilidade da exploração e da conservação genética das populações exploráveis. Essa resolução determina uma moratória temporária para o uso desse recurso florestal, por estar em risco de extinção. Esse fato, aliado a pouca habilidade dos órgãos ambientais, deflagrou uma prática de eliminar a regeneração natural dessa espécie. Ressalta-se, ainda, que pouco se fez para aprofundar o conhecimento sobre a verdadeira situação da espécie e seu ecossistema associado, informação fundamental para permitir a elaboração de estratégias confiáveis de conservação e de uso sustentável desse recurso florestal e de seu ecossistema associado. Portanto, uma das ações sugeridas para que essa espécie volte ao status de não ameaçada são os estudos associados a ações de restauração dos ambientes, primando por áreas que possibilitem a conexão entre os fragmentos de floresta.

Fragmentação

A principal área original de ocorrência da espécie *A. angustifolia* ocupava grande região contínua nos três estados do Sul do Brasil, interrompida por ilhas de campo. Atualmente, essa paisagem encontra-se intensamente modificada em virtude da ação antrópica sobre esse recurso

florestal. Conseqüentemente, estamos diante de uma paisagem altamente fragmentada, apresentando, na maioria dos casos, fragmentos pequenos que comportam populações reduzidas da espécie. Esse cenário dificulta o fluxo entre as populações remanescentes e, como consequência, aumenta a probabilidade de perda da capacidade adaptativa às mudanças do ambiente.

A fragmentação reduz o número de indivíduos que se reproduzem dentro de uma população e reduz o fluxo gênico entre elas. Conseqüentemente, os cruzamentos entre indivíduos relacionados aumentam, resultando em descendentes geneticamente aparentados (DUDASH; FENSTER, 2000). A progênie aparentada pode apresentar depressão endogâmica, que traz como consequências os seguintes fatores: menor desenvolvimento, baixa capacidade adaptativa, perda de diversidade e menor resistência a estresses bióticos e abióticos, entre outros.

Além disso, a fragmentação excessiva das populações submete-as a um acentuado efeito de borda e à redução no seu tamanho efetivo, comprometendo a sustentabilidade tanto das populações da espécie em questão, quanto dos demais organismos, plantas ou animais associados (VIANA et al., 1992). Vários estudos já realizados permitem concluir que a fragmentação florestal é a maior ameaça à biodiversidade. Alguns fatores decorrentes da fragmentação, como o efeito de borda e a diminuição do tamanho efetivo populacional com consequente perda de variabilidade genética, são ameaças às espécies florestais. As alterações decorrentes da fragmentação contribuem para a erosão da variação genética e aumento da divergência genética entre populações, por meio da deriva genética, endogamia e redução do fluxo gênico.

Mcneely et al. (1995) chamaram a atenção para as consequências da fragmentação da biodiversidade, das quais a principal é a redução da diversidade de espécies e genes. Além disso, a fragmentação provoca mudanças locais e regionais dos ecossistemas, nos quais se constata a

degradação dos solos, a escassez da água e a diminuição da qualidade do ar, entre outros (AULER et al., 2002).

A fragmentação das áreas florestais pela retirada da madeira e pelo avanço da agricultura e de outras atividades antrópicas levou ao isolamento de populações e, conseqüentemente, à deriva genética.

No caso da espécie *A. angustifolia*, os indivíduos remanescentes presentes nos fragmentos podem se tornar inviáveis e sujeitos ao desaparecimento, em virtude do rompimento da dinâmica da sua regeneração e reprodução. Ademais, mesmo que esse ciclo se complete, o pequeno tamanho efetivo das populações nos fragmentos torna as futuras gerações cada vez mais débeis em decorrência do aumento da endogamia e do efeito da deriva genética (SHIMIZU et al., 2000).

O trabalho desenvolvido por Auler et al. (2002) apresenta indícios de perda de diversidade pelo efeito da exploração e da fragmentação de populações de *A. angustifolia*. Além disso, os resultados de Mantovani et al. (2005) apontam uma situação preocupante com relação à alta endogamia detectada nos indivíduos reprodutivos presentes em remanescentes do Estado de Santa Catarina. Contudo, estudos mais detalhados devem ser realizados para verificação desse efeito sobre a regeneração natural.

Diversidade genética

A diversidade genética se refere ao nível de heteroziguidade de uma população obtida a partir de suas frequências alélicas (NEI, 1973), equivalente à quantidade de heterozigotos esperada em uma população de cruzamentos ao acaso. Assim, independentemente de efeitos de migração, seleção, mutação ou sistema reprodutivo, esse valor permite uma indicação do nível de variação genética em uma população de determinada espécie (REIS, 1996). A variação genética é importante para

que as populações tenham habilidade para se adaptar às diferentes condições ambientais.

O conhecimento dos padrões de distribuição da variação genética em plantas é importante para elaboração de estratégias de conservação. A base teórica da genética da conservação reside no fato de que a preservação da variabilidade genética é essencial para manutenção do potencial evolutivo das populações naturais (FRANKEL; SOULÉ, 1981).

O grau de variabilidade genética e o padrão de sua distribuição entre as populações e dentro delas são influenciados pelo tipo de hábitat e pela localização geográfica. As coníferas, em geral, apresentam alta variação genética dentro de espécies (HAMRICK et al., 1979).

Os primeiros trabalhos que abordaram aspectos genéticos em *A. angustifolia* estudaram a variação genética entre procedências e progênies e dentro delas, por meio de caracteres quantitativos, indicando importante variação entre procedências (SHIMIZU; HIGA, 1980; GURGEL-FILHO, 1980; KAGEYAMA; JACOB, 1980). Antes desses trabalhos, evidências de ocorrência de raças geográficas também foram consideradas por Gurgel e Gurgel-Filho (1965), os quais, por meio da análise bioestatística dos pinhões, constataram diferenças entre amostras por procedência.

Recentemente, vários estudos analisaram a diversidade genética de *A. angustifolia* por meio da utilização de marcadores genéticos, especialmente aqueles com base em isoenzimas. Shimizu et al. (2000) analisaram uma única população no Paraná, para a qual o índice de diversidade encontrado foi considerado elevado (heterozigosidade observada de 0,24 e esperada de 0,248), comparado à média de outras gimnospermas (HAMRICK et al., 1992) ou à média de espécies polinizadas pelo vento (HAMRICK; GODT 1989). Sousa (2000) analisou três populações pertencentes aos estados de São Paulo, do Paraná e de Santa

Catarina e encontrou diferenças para os níveis de diversidade genética, sendo certo que a população de São Paulo apresentou maior diversidade. Auler et al. (2002) estudaram, em Santa Catarina, populações degradadas e populações relativamente conservadas da espécie. A análise dos resultados indicou que, nas populações mais degradadas, os índices de diversidade foram inferiores aos das populações mais conservadas. Esses autores sugerem como possível explicação para as diferenças, o efeito da fragmentação que deve ter contribuído para a alteração da frequência e dinâmica de alelos nessas populações pelo efeito de deriva, indicando perda de diversidade genética nas populações degradadas.

Outro trabalho realizado por Mantovani et al. (2005) analisou 13 populações ao longo da área de ocorrência de *A. angustifolia* em Santa Catarina e, apesar do índice de diversidade estar dentro do esperado para a espécie, os valores de heterozigosidade encontrados foram inferiores àqueles da diversidade genética, produzindo índices de fixação (endogamia) positivos e de magnitude expressiva nas populações estudadas. Tal constatação sugere atenção especial aos remanescentes dessa espécie, com o fim de manter sua conservação. Além disso, é fundamental a continuidade de estudos que possam confirmar ou não essa tendência, já que a endogamia, nos níveis em que foi observada, pode comprometer as futuras gerações da espécie, com relação a sua adaptação às mudanças do meio.

Os estudos realizados com diferentes populações de *A. angustifolia* (SOUSA, 2000; AULER et al., 2002) indicaram que a maior parte da variação genética dessa espécie se encontra dentro das populações. Com o objetivo de entender a distribuição da variação genética dentro das populações de *A. angustifolia*, Mantovani (2003) estudou essa característica em uma população no Estado de São Paulo e detectou a presença de estrutura interna em *A. angustifolia*. Essa característica tem importantes implicações para programas de melhoramento e de

conservação, pois pode afetar a estimativa de parâmetros genéticos, tais como: taxa de cruzamento em populações naturais (ENNOS; CLEGG, 1982), estratégias de amostragem, e manejo das populações onde os padrões de exploração podem afetar a quantidade de diversidade genética (DOLIGEZ; JOLY, 1997).

Dessa forma, o aprofundamento dos estudos, tanto para a diversidade quanto para a estrutura genética, é essencial para o estabelecimento de estratégias efetivas de uso e de conservação desse recurso florestal, que apresenta importância ecológica, econômica e cultural em sua área de ocorrência natural.

Conservação *in situ*

Inúmeras considerações básicas fixam os limites de exploração dos recursos genéticos e são fatores-chaves para a manutenção dos recursos florestais. Nos últimos anos, a preocupação com a proteção da diversidade genética de espécies tornou-se prioridade para os programas de conservação, visando à manutenção em longo prazo da viabilidade evolutiva. A variabilidade genética é requisito fundamental para formar o banco de genes que auxiliam no desenvolvimento de estratégias para conservação. Tanto o manejo sustentável quanto o melhoramento genético estão correlacionados com a manutenção da diversidade genética das espécies.

Estudos envolvendo a avaliação dos impactos exercidos sobre biomas ou ecossistemas são ainda muito incipientes e limitados, pois tratam de relações complexas que dependem do resgate de informações, da frequência e distribuição da flora e da fauna, bem como das informações culturais referentes ao uso do recurso em destaque.

Conforme Gurgel e Gurgel Filho (1965) e Gurgel Filho (1980) a larga distribuição de *A. angustifolia* provavelmente contribuiu para a sua diferenciação em raças geográficas ou ecotipos. Algumas variedades de *A. angustifolia* foram

identificadas por Reitz e Klein (1966) e Mattos (1994) com base em características, como a época de maturação e a coloração dos pinhões. Marcadores morfológicos já foram utilizados em inúmeros estudos relacionados à caracterização do desenvolvimento de plantas. Esses estudos relacionaram as condições edafoclimáticas e geográficas das regiões de origem com a germinação e o crescimento, com intuito de caracterizar ecotipos específicos (KAGEYAMA; JACOB, 1980; MONTEIRO; SPELZ, 1980). Em *A.angustifolia* a identificação de raças em populações remanescentes, com base na caracterização morfológica, permite a seleção de populações prioritárias para a caracterização genética.

Existem diferentes marcadores passíveis de emprego na caracterização genética de araucária, entre eles estão os marcadores isoenzimáticos, que têm sido o principal recurso gerador de informações a respeito da diversidade genética em populações naturais e das diferenças nos índices dessa diversidade (SHIMIZU et al., 2000; AULER et al., 2002; MANTOVANI, 2003). Pode-se citar ainda o uso de marcadores moleculares como RAPD (MAZZA, 1997) RFLP (SCHLÖGL, 2000), AFLP (STEFENON et al., 2003) e de microssatélites (HAMPP et al., 2000; SALGUEIRO et al., 2005; SCHMIDT et al., 2007), os quais podem ser utilizados como importantes ferramentas na caracterização e no entendimento da diversidade e da estrutura genética da espécie. O recente desenvolvimento de marcadores microssatélites para *A. angustifolia*, por exemplo, permitiu a obtenção de 29 pares de iniciadores com altos níveis de polimorfismo (SCHMIDT et al., 2007), o que ampliou as possibilidades de estudos referentes à frequência e à distribuição alélica entre as populações da espécie e dentro delas.

Por sua vez, o estudo da distribuição de alelos dentro de populações e entre elas permite o desenvolvimento de estratégias apropriadas para o manejo e a conservação dos recursos genéticos in situ e ex situ. A recomposição de áreas

degradadas a partir da coleta de sementes em populações naturais necessita da determinação da magnitude e da distribuição da variabilidade genética entre os fragmentos remanescentes e dentro deles. Tais informações permitem identificar os fragmentos que, por conter características genéticas distintas, necessitam ser amostrados e conservados.

A escolha precisa dos fragmentos, e uma eficiente coleta de amostras permite conservar a máxima variabilidade genética no menor espaço possível. O estabelecimento de novas populações a partir da coleta de sementes permite ainda o monitoramento da regeneração natural e a identificação de genótipos superiores para o estabelecimento de programas de melhoramento genético para essa espécie.

A conservação genética *in situ*, numa forma ideal, pressupõe ainda um componente de longo prazo, que tem implicações com a manutenção da variabilidade suficiente para as populações futuras, com o tamanho de reservas para a sua estabilidade e com questões do uso ou do potencial para o recurso genético preservado (KAGEYAMA, 1987). Nesse sentido, é pertinente a integração com a conservação *on farm*.

A conservação *on farm* dessa espécie seria uma alternativa para sua manutenção em ambientes naturais, já que o manejo da colheita de pinhões de forma planejada torna-se uma alternativa de renda para o agricultor e favorece a conservação da espécie, permitindo a continuidade da evolução e a manutenção das populações remanescentes.

Em Santa Catarina, a colheita de pinhão só é permitida após o dia 15 de abril, com o intuito de favorecer a dispersão de sementes para manutenção da espécie. Segundo Guerra et al. (2002), a renda total por área, decorrente da exploração de pinhão, pode ser 22 % superior à renda obtida para um sistema de exploração de madeira. Além da rentabilidade, essa atividade diminuiria a pressão de corte sobre os remanescentes. Outras

atividades, como a pecuária extensiva, a apicultura e a exploração da vegetação associada, como goiabeira-serrana (*Acca sellowiana*), cataia (*Drymis brasiliensis*) e espinheira-santa (*Maytenus ilicifolia*), poderiam ser desenvolvidas em conjunto com a exploração de pinhões.

Para pequenos proprietários rurais, a exploração do pinhão pode ser um importante componente na renda familiar, como demonstrado por Silva (2006). Contudo, há a necessidade de um ordenamento dessa exploração e isso é possível com o estabelecimento de estudos para quantificar o número de famílias envolvidas com essa atividade, com o volume explorado e comercializado e seus impactos ecológicos sobre a dispersão, regeneração e alimentação da fauna e flora associada. Há a necessidade de estabelecimento de parcerias entre os setores público e privado e as ONGs, visando à implementação de um programa de conservação, melhoramento e manejo sustentado de *A. angustifolia*.

Embriogênese somática para uso e conservação de *Araucaria angustifolia*

Técnicas biotecnológicas apresentam grande potencial de uso em programas de melhoramento genético e de conservação. Essas técnicas permitem o desenvolvimento e a propagação massal de genótipos superiores, bem como o estabelecimento de bancos de germoplasma visando à manutenção da variabilidade genética das populações naturais (PARK, 1998; GUERRA et al., 2000; PHILLIPS, 2004).

Técnicas de cultivo in vitro têm sido empregadas para a propagação de coníferas de interesse comercial, tais como *Pinus pinaster* (RAMAROSANDRATANA et al., 2001) e *Pinus strobus* (KLIMASZEWSKA et al., 2000), bem como para coníferas ameaçadas de extinção, como é o caso de *Cedrus libani* (KHURI et al., 2000) e *A. angustifolia* (SANTOS et al., 2002; STEINER, 2005). Entre as técnicas

in vitro, a embriogênese somática é a principal técnica utilizada, pois permite a captura e a fixação da variação genética aditiva e não aditiva e a multiplicação em larga escala de genótipos superiores. A embriogênese somática é definida como um processo morfogênético, pelo qual células haplóides ou somáticas desenvolvem-se e seguem diferentes estádios embriogênicos, dando origem a uma planta sem que ocorra a fusão de gametas (WILLIAMS; MAHESWARAN, 1986). Torna-se uma ferramenta ainda mais importante quando associada a outras tecnologias, como aquelas relacionadas aos biorreatores, sementes sintéticas e criopreservação.

O uso de sementes sintéticas e a criopreservação permitem o estabelecimento de bancos de germoplasma, em longo prazo, para a manutenção de plantas elite e genótipos ameaçados de extinção. As sementes sintéticas minimizam a recalcitrância natural, já que in vitro as sementes podem estar disponíveis para o plantio durante todo o ano. Já a criopreservação reduz custos com a manutenção de germoplasma in vitro e minimiza o efeito da instabilidade genética presente em culturas embriogênicas subcultivadas por longos períodos (ZOGLAUER et al., 2003).

A embriogênese somática permite a integração de um sistema de conservação in situ e ex situ, paralelamente ao desenvolvimento de programas de melhoramento genético, em que materiais, que são utilizados em programas de melhoramento, podem ser utilizados para recomposição de áreas degradadas, e vice-versa (Fig. 5). Após o estabelecimento em casa de vegetação, testes de fidelidade clonal podem ser facilmente aplicados nas plantas provenientes do cultivo in vitro.

Em *A. angustifolia*, a embriogênese somática compreende uma seqüência de etapas que incluem a indução e a multiplicação de complexos celulares suspensor-embriionários, que são precursores dos embriões somáticos (GUERRA et al., 2000; SANTOS et al., 2002; SILVEIRA et al., 2002; STEINER et al., 2005, 2007). A estratégia

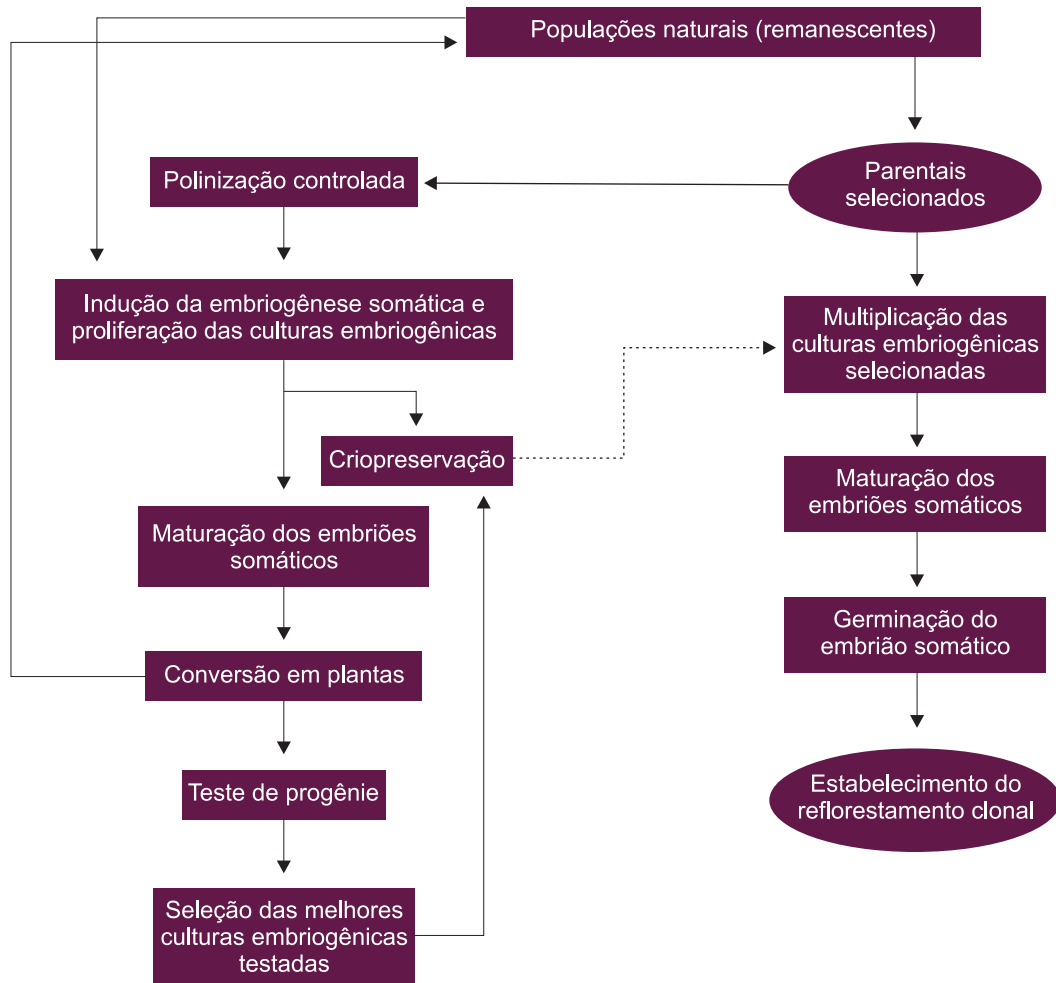


Fig. 5. Integração da poliembriogênese somática em um programa de conservação e/ou melhoramento genético de *A. angustifolia*.
 Fonte: Adaptado de Park (1998).

empregada para o estabelecimento da embriogênese somática em *A. angustifolia* encontra-se esquematizada na Fig. 6. O processo básico consiste em dois ciclos. No ciclo A, o modelo embriogenético nessa espécie é caracterizado pela indução de culturas embriogênicas originadas a partir do ápice do embrião zigótico, que é resgatado e cultivado in vitro na presença de auxinas e citocininas. Nesse modelo, complexos celulares suspensor-embriionários são mantidos in vitro, em ciclos repetitivos de multiplicação por tempo indeterminado, quando as condições de cultivo forneçam

sinais específicos para a autopropagação. Esses complexos suspensor-embriônicos são constituídos por dois tipos celulares: células embriônicas e células do suspensor (Fig. 6). Ambos são observados na forma de complexos ou individualmente, o que os torna semelhantes aos observados nos estágios iniciais da embriogênese zigótica (Fig. 3). Quando induzidos aos processos de histodiferenciação, pelas mudanças no balanço hormonal e pelas fontes de carbono do meio de cultura, esses complexos resultam na formação de proembriões somáticos. Esses proembriões caracterizam os estágios iniciais da embriogênese em coníferas, nos quais a polaridade é estabelecida.

No ciclo B, a formação de embriões somáticos é estimulada quando novos sinais químicos específicos de ajuste

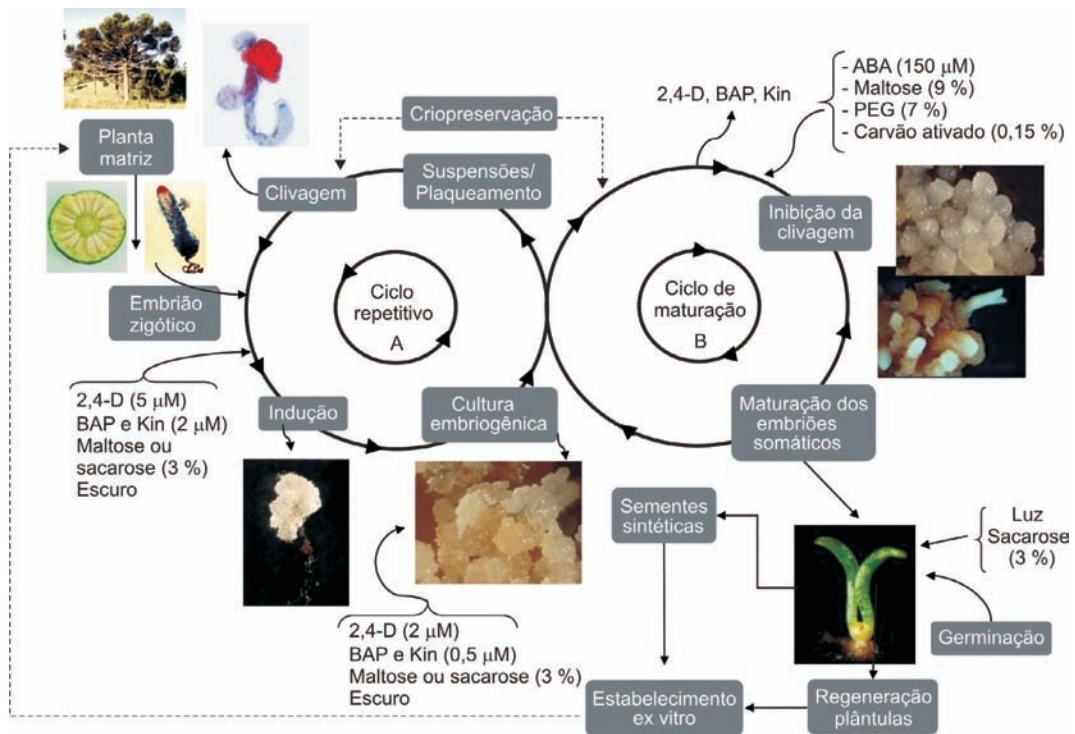


Fig. 6. Processo de dois ciclos para a indução e modulação da embriogênese somática de *A. angustifolia*. A) Estabelece condições para a obtenção de ciclos repetitivos de divisão celular em meio de cultura BM, suplementado ou não com 2,4-D (5 µM), BAP e Kin (2 µM cada); B) Estabelece condições para a progressão e maturação dos embriões somáticos em meio de cultura BM, suplementado com PEG (7 %), maltose (9 %) e ABA (150 µM).
Fonte: Steiner (2005).

osmótico e hormonal são fornecidos aos proembriões durante a etapa de maturação. A formação dos embriões somáticos globulares é observada a partir do grupo de células embriogênicas, ao mesmo tempo em que as células alongadas do suspensor regridem e morrem. O desenvolvimento dos embriões somáticos globulares marca o início da diferenciação estrutural, de modo que a histogênese inicia-se com a formação da protoderme circundando o embrião somático globular, ocorrendo, em seguida, a especificação dos meristemas. Esses embriões evoluem para estágios de desenvolvimento torpeda, pré-cotiledonar e cotiledonar em resposta aos mesmos sinais específicos. Os embriões somáticos obtidos podem ser convertidos em plantas ou alternativamente encapsulados em sementes sintéticas (Fig. 6). A criopreservação pode ser empregada tanto em células provenientes do ciclo A, quanto em embriões somáticos provenientes do ciclo B, permitindo assim a integração dessa técnica em programas de melhoramento genético e/ou conservação de germoplasma (Fig. 5).

Referências

- ANDERSON, J. M.; ANDERSON, H. M. The heyday of the gymnosperms: was it to be found in the late Triassic? In: ALMOND, J. M.; ANDERSON, H. M.; BOOTH, P.; CHINSAMY-TURAN, A.; COLE, D.; DE WIT, M. J.; RUBRIDGE, B.; SMITH, R.; VAN BEEVER DONKER, J.; STOREY, B. C. (Ed.). Gondwana 10: event stratigraphy of Gondwana, Special Abstracts Issue. **Journal of African Earth Sciences**, Pretoria, v. 27, 1998. p. 5-6.
- AULER, N. M. F.; REIS, M. S.; GUERRA, M. P.; NODARI, R. O. The genetics and conservation of *Araucaria angustifolia*: I Genetic structure and diversity of natural populations by means of non adaptive variation in the state of Santa Catarina, Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 3, p. 329-338, 2002.
- BACKES, A. Dinâmica do pinheiro brasileiro. **Iheringia**, Porto Alegre, v. 30, p. 49-84. 1983.
- BEHLING, H. South and southeast Brazilian grasslands during Late Quaternary times: a synthesis. **Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology**, Los Angeles, v. 177, p. 19-27, 2002.
- BURLINGAME, L. The morphology of *Araucaria brasiliensis*. III. Fertilization, the embryo, and the seed. **Botanical Gazette**, London, v. 59, p. 1-39, 1915.
- CARVALHO, A. L. de. Contribuição ao estudo da biologia na Estação Florestal dos Pardos. **Anuário Brasileiro de Economia Florestal**, Rio de Janeiro, v. 3, n. 3, p. 208-222, 1950.
- CARVALHO, P. E. R. **Espécies arbóreas brasileiras**. Colombo: Embrapa Florestas, 2003. 1039 p.

CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras**: Recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira. Colombo: Embrapa Florestas, 1994. 639 p.

CODRINGTON, T. A.; SCOTT, L. J.; SCOTT, K. D.; GRAHAM, G. C.; ROSSETTO, M.; RYAN, M.; WIFFEN, T.; HENRY, R. J.; HILL, K. Unresolved phylogenetic position of *Wollemia*, *Araucaria* and *Agathis*. In: BIELESKI, R. (Ed.). **Araucariaceae**. London: IDS, 2005. p. 86-91.

DOLIGEZ, A.; JOLY, H. I. Genetic diversity and spatial structure within a natural stand of a tropical forest tree species, *Carapa procera* (Meliaceae), in French Guiana. **Heredity**, London, v. 79, p. 72-82, 1997.

DUARTE, L. S.; DILLENBURG, L. R. Ecophysiological responses of *Araucaria angustifolia* (Araucariaceae) seedling to different irradiance levels. **Australian Journal of Botany**, Collingwood, v. 48, p. 531-537, 2000.

DUARTE, L. S.; DILLENBURG, L. R.; ROSA, L. M. G. Assessing the role of light availability in the regeneration of *Araucaria angustifolia* (Araucariaceae). **Australian Journal of Botany**, Collingwood, v. 50, p. 741-751, 2002.

DUDASH, M. R.; FENSTER, C. B. Inbreeding and outbreeding depression in fragmented populations. In: YOUNG, A.; CLARKE, G. (Ed.). **Genetics, demography and viability of fragmented populations**. Cambridge: Cambridge University Press, 2000. p. 35-53.

DUTRA, T. L.; BOARDMAN, D. R.; SOUZA L, W. Os fósseis da Bacia de Sergipe-Alagoas. Os vegetais: as gimnospermas. **Phoenix**, Sergipe, v. 46, p. 1-4, 2002.

DUTRA, T. L.; STRANZ, A. The history of Araucariaceae: a new antartic approach and its fossil record. In: SOUTHERN CONNECTION CONGRESS, 3., 2000, Christchurch, New Zealand. **Programme and abstracts**. New Zealand: Wickliffe Press , 2000. 84 p.

ENNOS, R. A.; CLEGG, M. T. Effect of population substructuring on estimates of outcrossing rate in plant population. **Heredity**, London, v. 48, p. 283-292, 1982.

ENRIGHT, N. J.; HILL, R. (Ed.). **Ecology of the Southern Conifers**. Washington: Smithsonian Institution, 1995. 342 p.

FERREIRA, A. G.; IRGANG, B. E. Regeneração natural de *Araucaria angustifolia* nos Aparados da Serra-RS. In: CONGRESSO NACIONAL DE BOTÂNICA, 30., Rio de Janeiro, 1979. **Anais...** Rio de Janeiro: UFRRJ, 1979. p. 225-230.

FRANKEL, O. H.; SOULÉ, M. E. **Conservation and evolution**. Cambridge: Cambridge University Press, 1981. 327 p.

GIFFORD, E. M.; FOSTER, A. S. **Morphology and evolution of vascular plants**. New York: W. H. Freeman, 1989. 626 p.

GILMORE, S.; HILL, K. D. Relationships of the Wollemi Pine (*Wollemia nobilis*) and a molecular phylogeny of the Araucariaceae. **Telopea**: Journal of Plant Systematics, Sydney, v. 7, p. 275-291, 1997.

GRAHAM, G. C.; HENRY, R. J.; GODWIN, I. D.; NIKLES, D. G. Phylogenetic position of hoop pine (*Araucaria cunninghamii*). **Australian Systematic Botany**, Collingwood, v. 9, p. 893-902, 1996.

GUERRA, M. P.; SILVEIRA, V.; REIS, M. S.; SCHNEIDER, L. Exploração, manejo e conservação da *Araucaria (Araucaria angustifolia)*. In: SIMÕES, L. L.; LINO, C. F. (Org.). **Sustentável Mata Atlântica: a exploração de seus recursos florestais**. São Paulo: Ed. Senac, 2002. p. 85-101.

GUERRA, M. P.; SILVEIRA, V.; SANTOS, A. L. W.; ASTARITA, L. V.; NODARI R. O. Somatic embryogenesis in *Araucaria angustifolia* (Bert) O. Ktze., In: JAIN S. M.; GUPTA P. K.; NEWTON R. J. (Ed.). **Somatic embryogenesis in woody plants**. Dordrecht: Kluwer, 2000, v. 6, p. 457-478.

- GURGEL, J. T. A.; GURGEL-FILHO, O. A. Evidências de raças geográficas no pinheiro brasileiro, *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. **Ciência e Cultura**, Campinas, SP, v. 17, p. 33-39, 1965.
- GURGEL-FILHO, A. O. Silvícola da *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. In: IUFRO MEETING ON FORESTRY PROBLEMS OF THE GENUS ARAUCARIA, 1., 1979, Curitiba. **Forestry problems of the genus Araucaria**, Curitiba: FUPEF, 1980. p. 29-68.
- HAINES, R.J., PRAKASH, N. Proembryo development and suspensor elongation in *Araucaria Juss.* **Australian Journal of Botany**, Collingwood, v. 28, p. 511-523, 1980.
- HAMPP, R.; MERZ, A.; SCHAIBLE, R.; SCHWAIGERER, M.; NEHLS, U. Distinction of *Araucaria angustifolia* seeds from different locations in Brazil by specific DNA sequence. **Trees: structure and function**, Vancouver, v. 14, p. 429-434, 2000.
- HAMRICK, J. L.; GODT, M. J. W. Allozyme diversity in plant species. In: BROW, A. H. D.; CLEGG M. T.; KAHLER, A. L.; WEIR, B. S. (Ed.). **Plant population genetic, breeding and germoplasm resources**. Sunderland: Sinauer, 1989. p. 43-63.
- HAMRICK, J. L.; GODT, M. J. W.; SHERMAN-BROYLES, S. L. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. **New Forests**, Stillwater, v. 6, p. 95-124, 1992.
- HAMRICK, K. L.; LINHART, Y. B.; MITTON, J. B. Relationships between life history characteristics and electrophoretically detectable genetic variation in plants. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 10, p. 173-200, 1979.
- HUECK, K. **As florestas da América do Sul: ecologia, composição e importância econômica**. Brasília, DF: Editora da Universidade de Brasília, 1972. 466 p.
- IANNUZI, R.; VIEIRA, C. E. L. **Paleobotânica**. Porto Alegre: UFRGS, 2005. 167 p.
- INOUE, M. T.; GALVÃO, F.; TORRES, D. V. Estudo ecofisiológico sobre *Araucária angustifolia* (Bert.) O. Ktze.: fotossíntese em dependência à luz no estágio juvenil. **Revista Floresta**, Curitiba, v. 10, n. 1, p. 5-9, 1979.
- INOUE, M. T.; TORRES, D. V. Comportamento do crescimento de mudas de *Araucária angustifolia* (Bert.) O. Ktze. em dependência da intensidade luminosa. **Revista Floresta**, Curitiba, v. 11, n. 1, p. 7-11, 1980.
- IUCN 2006. **2006 IUCN red list of threatened species**. Disponível em: <<http://www.iucnredlist.org>>. Acesso em: 17 jul. 2006.
- JOHANSEN, D. A. **Plant embryology: embryology of the Araucariaceae**. Massachusetts: Waltham, 1950.
- KAGEYAMA, P. Y. Conservação “*in situ*” de recursos genéticos de plantas. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**, Piracicaba, v. 35, 1987. p. 7-37.
- KAGEYAMA, P. Y.; JACOB, W. S. Variação genética entre e dentro de progênies de uma população de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. In: IUFRO MEETING ON FORESTRY PROBLEMS OF THE GENUS ARAUCARIA, 1., 1979, Curitiba. **Forestry problems of the genus Araucaria**, Curitiba: FUPEF, 1980. p. 83-86.
- KERSHAW, P.; WAGSTAFF, B. The southern conifer family Araucariaceae: history, status, and value for paleoenvironmental reconstruction. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 32, p. 397-414, 2001.
- KHURI, S.; SHMOURY, M. R.; BAALBAKI, R.; MAUNDER, M. E.; TALHOUK, S. N. Conservation of the *Cedrus libani* populations in Lebanon: history, current status and experimental application of somatic embryogenesis. **Biodiversity and Conservation**, Madrid, v. 9, p. 1.261-1.273, 2000.

KLEIN, R. M. O aspecto dinâmico do pinheiro brasileiro. *Sellowia*, Itajaí, v. 12, n. 12, p. 17-44, 1960.

KLIMASZEWSKA, K.; BERNIER-CARDOU, M.; CYR, D. R.; SUTTON, B. C. S. Influence of gelling agents on culture medium gel strength, water availability, tissue water potential, and maturation response in embryogenic cultures of *Pinus strobus* L. *In Vitro Cellular & Developmental Biology-Plant*, Jonesboro, GA, v. 36, p. 279-286, 2000.

LABORIAU, L. F. G.; MATTOS FILHO, A. Notas preliminares sobre a região da *Araucaria*. **Anuário Brasileiro de Economia Florestal**, São Paulo, v. 1, p. 1-17, 1948.

MANTOVANI, A. **Fenologia reprodutiva e estrutura genética de uma população natural de *A. angustifolia* (Bert.) O. Kuntze (Araucariaceae)**. 2003. 106 f. Tese (Doutorado em Biologia Vegetal) – Departamento de Botânica, Universidade Estadual Paulista, Rio Claro.

MANTOVANI, A.; MARIOT, A.; BITTENCOURT, R.; REIS, M. S. Distribuição e conservação da diversidade genética de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze no Estado de Santa Catarina. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, 51., Águas de Lindóia, 2005. **Anais...** Ribeirão Preto: SBG, 2005. p. 23.

MANTOVANI, A.; MORELLATO, L. P. C.; REIS, M. S. Fenologia reprodutiva e produção de sementes em *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 27, n. 4, p. 787-796, 2004.

MATTOS, J. R. de. **O pinheiro brasileiro**. 2 ed. Lages: Artes Gráficas Princesa, 1994. v. 1. 223 p.

MAZZA, M. C. M. Use of RAPD markers in the study of genetic diversity of *Araucaria angustifolia* (Bert.) population in Brazil. In: BRUNS, S.; MANTELL, S.; TRAGARDH, V. A. M. (Ed). **Recent advances in biotechnology for tree conservation and management**. Stockholm: International Foundation for Science, 1997. p. 103-111.

MCNEELY, J. A. **Expanding partnership in conservation**. Washington: Island, 1995. 302 p.

MONTEIRO, R. F. R.; SPELZ, R. M. Ensaio de 24 progênies de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze. In: IUFRO MEETING ON FORESTRY PROBLEMS OF THE GENUS ARAUCARIA, 1., 1979, Curitiba. **Forestry problems of the genus *Araucaria***, Curitiba: FUPEF, 1980. p. 181-200.

NEI, M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Berkeley, USA, v. 70, n. 12, p. 3321-3323, 1973.

PARK, Y. S. Implementation of conifer somatic embryogenesis in clonal forestry: technical requirements and deployment considerations. **Annals of Forest Science**, Champenoux, v. 59, p. 651-656, 1998.

PHILLIPS, G. C. In vitro morphogenesis in plants: recent advances. *In Vitro Cellular Developmental Biology-Plant*, Jonesboro, v. 40, p. 342-345, 2004.

RAMAROSANDRATANA, A.; HARVENGT, L.; BOUVET, A.; CALVAYRAC, R. E.; PÂQUES, M. Effects of carbohydrate source, polyethylene glycol and gellan gun concentration on embryonal-suspensor mass (ESM) proliferation and maturation of maritime pine somatic embryos. *In Vitro Cellular & Developmental Biology-Plant*, Jonesboro, v. 37, p. 29-34, 2001.

REIS, M. S. **Distribuição e dinâmica da variabilidade genética em populações naturais de palmiteiro (*Euterpe edulis* Martius)**. 1996. 210 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Departamento de Genética, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

REITZ, R.; KLEIN, R. M. **Araucariaceas**. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues, 1966. 62 p.

REITZ, R.; KLEIN, R. M.; REIS, A. Projeto Madeira de Santa Catarina. *Sellowia*, Itajaí, v. 28-30, p. 1-320, 1978.

SALGUEIRO, F.; CARON, H.; SOUZA, M. I. F.; KREMER, A.; MARGIS, R. Characterization of nuclear microsatellite loci in South American Araucariaceae species. **Molecular Ecology Notes**, Loughborough, v. 5, n. 2, p. 256-258, 2005.

SANTOS, A. L. W.; SILVEIRA, V.; STEINER, N.; VIDOR, M.; GUERRA, M. P. Somatic embryogenesis in Paraná pine (*Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze). **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 45, p. 97-106, 2002.

SCHLÖGL, P. S. **Análise da diversidade genética em regiões não codificadoras de DNAs de cloroplastos em *Araucaria angustifolia* por PCR-RFLP**. 2000. 64 f. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia) – Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis.

SCHMIDT, A. B.; CIAMPI, A. Y.; GUERRA, M. P.; NODARI, R. O. Isolation and characterization of microsatellite markers for *Araucaria angustifolia* (Araucariaceae). **Molecular Ecology Notes**, Loughborough, v. 7, p. 340-342, 2007.

SCOTT, L. J.; SHEPHERD, M.; HENRY, R. J.; GRAHAM, G. C.; DIETERS, M.; NIKLES, G. Utility and evolution of microsatellites in the Araucariaceae. In: BIELESKI, R. L.; WILCOX, M. D. (Ed.). **The Araucariaceae**. London: International Dendrology Society, 2004. p. 92-101.

SEITZ, R. Crow development of *Araucaria angustifolia* in its natural environment during sixty years. In: FUJIMORI, T.; WHITEHEAD, D. (Ed.). **Crow and canopy structure in relation to productivity**. Ibaraki: Forestry and Forest Products Research Institute, 1986. p. 129-145.

SETOGUCHI, H.; OSAWA, T. A.; PINTAUD, J.; JAFFRE, T.; VEILLON, J. Phylogenetic relationships within Araucariaceae based on rbcL gene sequences. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 85, p. 1.507, 1998.

SHIMIZU, J. Y.; HIGA, A. R. Variação genética entre procedências de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ketz. In: IUFRO MEETING ON FORESTRY PROBLEMS OF THE GENUS ARAUCARIA, 1., 1979, Curitiba. **Forestry problems of the genus *Araucaria***, Curitiba: FUPEF, 1980. p. 78-82.

SHIMIZU, J. Y.; JAEGER, P.; SOPCHAKI, A. S. Variabilidade genética em uma população remanescente de Araucária no Parque Nacional do Iguaçu, Brasil. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 41, p.18-36, 2000.

SHIMIZU, J. Y.; OLIVEIRA, Y. M. M. **Distribuição, variação e usos dos recursos genéticos da *Araucaria* no sul do Brasil**. Curitiba: Embrapa-URPFCS. 1981. 9 p.

SILVA, C. V. **Aspectos da obtenção e comercialização de pinhão na região de Caçador-SC**. 2006. 111 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) – Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis.

SILVEIRA, V.; STEINER, N.; SANTOS, A. L. W.; NODARI, R. O.; GUERRA, M. P. Biotechnology tolls in *Araucaria angustifolia* conservation and improvement: inductive factors affecting somatic embryogenesis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 2, p. 463-470, 2002.

SINGH, H. Embryology of gymnosperms. **Handbuch der Pflanzenanatomie**, Berlin, v. 10, n. 2, p. 1-302, 1978.

SOARES, R. V. Considerações sobre a regeneração natural da *Araucaria angustifolia*. **Revista Floresta**, Curitiba, v. 10, n. 2, p. 12-17, 1979.

SOLÓRZANO FILHO, J. A. **Demografia, fenologia e ecologia da dispersão de sementes de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze (Araucariaceae), numa população relictual em Campos do Jordão**. 2001. Dissertação (Mestrado) – Universidade de São Paulo, São Paulo.

SOLÓRZANO-FILHO, J. A.; KRAUS, J. E. Breve história das matas de araucária. In: INTERNATIONAL CONGRESS AND EXHIBITION ON FORESTS, 5., 1999, Curitiba. **Forest 99**. Rio de Janeiro: Biosfera, 1999. p. 37-40.

SOUSA, V. A. **Population genetic studies in *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze.** 2000.161 f. Thesis (Ph.D.) – Faculty of Forest Sciences and Forest Ecology, Institute of Forest Genetics and Forest Tree Breeding, Georg-August University of Göttingen, Göttingen.

STEFENON, V. M.; NODARI, R. O.; REIS, M. S. Padronização de protocolo AFLP e sua capacidade informativa para análise da diversidade genética em *Araucaria angustifolia*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 64, p. 163-171, 2003.

STEINER, N. **Parâmetros fisiológicos e bioquímicos durante a embriogênese zigótica e somática em *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze.** 2005. 129 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) – Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis.

STEINER, N.; SANTA CATARINA, C.; SILVEIRA, V.; FLOH, E. I. S.; GUERRA, M. P. Polyamine effects on growth and endogenous hormones levels in *Araucaria angustifolia* embryogenic cultures. **Plant Cell Tissue and Organ Culture**, Wageningen, v. 89, n. 1, p. 55-62, 2007.

STEINER, N.; VIEIRA, F. do N.; MALDONADO, S.; GUERRA, M. P. Carbon source affects morphogenesis and histodifferentiation of *A. angustifolia* embryogenic cultures. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 48, n. 6, p. 895-903, 2005.

STEWART, W. N. **Paleobotany and the evolution of plants.** Cambridge: Cambridge University Press, 1987. 405 p.

STOCKEY, R. A. Antarctic and Gondwana conifers. In: TAYLOR, T. N.; TAYLOR, E. L. (Ed.). **Antarctic paleobiology: its role in the reconstruction of Gondwana.** New York: Springer, 1990. p.179-191.

TAYLOR, T. N.; TAYLOR, E. L. **The biology and evolution of fossil plants.** Englewood Cliffs: Prentice-Hall, 1993. 982 p.

VIANA, V. M.; TABANEZ, A. J. A.; MARTINEZ, J. L. A. Restauração e manejo de fragmentos florestais. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 4, p. 400-406, 1992.

VIEIRA, M. C. W. **Fitogeografia e conservação em florestas em Monte Belo, Minas Gerais:** estudo de caso: Fazenda Lagoa. 1990. 129 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro. 1990.

WHITE, M. **The flowering of Gondwana.** Princeton: Princeton University Press, 1990. 256 p.

WILLIAMS, E. G.; MAHESWARAN, G. Somatic embryogenesis: Factors influencing coordinated behaviour of cells as an embryogenic group. **Annals of Botany**, Exeter, v. 57, p. 443-462, 1986.

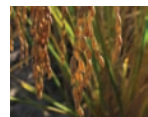
ZOGLAUER, K.; BEHRENDT, U.; RAHMAT, A.; ROSS, H.; TARYONO. Somatic embryogenesis – the gate to biotechnology in conifers. In: LAIMER, M.; RÜCKER, W. (Ed.). **Plant Tissue Culture 100 years since Gottlieb Haberlandt.** New York: Springer, 2003. 260 p.



A rroz

Alimentando a humanidade há milênios

Foto: Rosa Lía Barbieri





Ariano Martins de Magalhães Júnior
Antônio Costa de Oliveira

O termo biodiversidade foi adotado no final da década de 1980 e define variações em todos os níveis de organização entre organismos (WILSON, 1997). O estudo de biodiversidade é, portanto, extremamente complexo. Do ponto de vista genético, envolve as seguintes considerações: a) o estudo de seqüências de DNA, muitas delas sem efeito na expressão gênica, analisando a estrutura do genoma; b) o estudo de genes com valor adaptativo, analisando regiões genômicas codificantes; c) o estudo de diferenças e similaridades entre indivíduos de uma mesma espécie; d) o estudo de espécies e especiação, bem como das interações entre organismos que compõem comunidades (BASE DE DADOS TROPICAL, 2005).

É estimado que exista cerca de 5 a 30 milhões de espécies no planeta, das quais, até o momento, somente 1,4 milhão foi catalogado (WILSON, 1997). Aproximadamente 260 mil espécies de plantas foram descritas até o momento, mas

somente 30 espécies, aproximadamente, são usadas em maior escala para consumo humano. Entre as mais usadas, destacam-se o arroz, o milho e o trigo, os quais respondem por 70 % do consumo mundial diário de alimentos. Ou seja, usa-se em escala comercial ou para fins de subsistência uma fração mínima da diversidade biológica existente.

Aproximadamente 230 mil acessos de arroz (*Oryza* spp.) estão preservados em bancos de germoplasma no mundo inteiro. A base genética do melhoramento da cultura é, no entanto, bastante estreita. Não se sabe com exatidão o número de cultivares de arroz existentes no mundo, porém é estimado que haja mais de 140 mil variedades lançadas (IRRI, 2005).

A maior coleção encontra-se no International Rice Research Institute (Irri), nas Filipinas, onde, desde 1962, se têm relatos de coleta, conservação e caracterização de acessos de arroz. O Internacional Rice Genebank (IRG), construído em 1977, consta atualmente de cerca de 107 mil acessos (IRRI, 2005).

Na América Latina, o número de variedades de arroz utilizadas em programas de melhoramento era limitado, há pouco tempo, a 12 acessos (BASE DE DADOS TROPICAL, 2005). No Brasil, onde o arroz irrigado responde por cerca de 50 % da produção nacional, a base genética dos programas de melhoramento estava recentemente resumida a sete variedades (RANGEL et al., 1996).

A coleção de germoplasma do gênero *Oryza*, em nível mundial, iniciou no final da década de 1950. No início dos anos de 1970, esforços internacionais de coleta de germoplasma de arroz selvagem resultaram no aumento de pool gênico, sendo responsável pela chamada "revolução verde" do arroz (VAUGHAN et al., 2003).

No Brasil, o arroz é uma das espécies, em pesquisa, mais intercambiadas (FREIRE et al., 1999), sendo introduzido de diversas regiões do mundo, com destaque para o Irri, e para o Centro Internacional de Agricultura Tropical (Ciat), na Colômbia.

Genealogia e taxonomia

O arroz pertence à divisão Angiosperma, classe das monocotiledôneas (plantas que possuem um único embrião e um só cotilédone), ordem Glumiflora, família Poaceae (anteriormente denominada Gramineae), subfamília Bambusoideae ou Oryzoideae (definida mais tarde), tribo Oryzea, e gênero *Oryza* (Botelho, 1914). É uma planta anual ou perene, que pode se desenvolver em condições de solo alagado ou seco (MAGALHÃES JUNIOR et al., 2004). As gramíneas, provavelmente, surgiram na era Mesozóica e evidências circunstanciais sugerem que tenha sido em clima tropical e que, a partir de então, diversas linhas evoluíram e adaptaram-se a vários habitats.

As tribos de gramíneas atuais parecem ter evoluído a partir de um ancestral com $x=6$, em mais de uma ocasião e em diferentes linhas, provocado pela redução, supressão e modificação de cromossomos. Evidências sugerem que existam diferentes caminhos evolutivos para essas tribos. A linha bambusóide, formada pela tribo Oryzeae, possui cromossomos de tamanho médio a pequeno, com $x=12$, provavelmente derivados por duplicação cromossômica de gramíneas ancestrais do número básico $x=6$ (TERRES et al., 1998). O grande número de cromossomos de tamanho pequeno é uma característica considerada primitiva pelos citogeneticistas. Uma análise numérica taxonômica da família das gramíneas, que provavelmente reflete relações evolutivas, mostra a associação entre o arroz e o bambu e uma divergência do arroz para com outros cereais, dificultando a hibridação entre eles.

Taxonomicamente, o arroz engloba duas tribos de importância alimentar, que são a Zizaniae e Oryzae. Zizaniae inclui os gêneros *Zizaniopsis* e *Zizania*, sendo este último o mais conhecido, apresentando relação de parentesco com *Oryza*, gênero do arroz cultivado. Designado pelos norte-americanos como *wild rice* (arroz selvagem), o gênero *Zizania* (Fig. 1) reúne cerca de quatro

espécies, merecendo destaque *Z. aquatica*, comumente encontrada em regiões alagadiças dos EUA, e *Z. latifolia*, utilizada como verdura no leste da Ásia (WET; OELKE, 1978; OELKE et al., 1997), todas elas com pequena expressão alimentar no mundo, mas que vêm ganhando importância na culinária exótica.



Fig. 1. Arroz selvagem (*wild rice*) do gênero *Zizania*.

A tribo Oryzae, que contém o gênero *Oryza*, é atualmente composta por 23 espécies (VAUGHAN; CHANG, 1995), com destaque para duas espécies cultivadas: *O. glaberrima* Steud., arroz cultivado africano (Fig. 2), e *O. sativa* L., arroz cultivado asiático (Fig. 3), que é a mais conhecida por sua importância na alimentação humana. Citogeneticamente, ambas são diplóides com número básico (x) de 12 cromossomos ($2n=24$, no tecido somático). Apesar da grande semelhança, existem diferenças entre seus genomas e, por isso, o da *O. sativa* é representado por AA e o da *O. glaberrima*, por AgAg. Embora possam apresentar cruzamento natural entre si (hibridação), dependendo da interação genótipo-ambiente, ambas as espécies são predominantemente autógamas. A fecundação ocorre antes ou no momento da abertura das glumelas (lema e pálea), expondo o pistilo de estigma bifurcado, os estames e as anteras com o pólen (TERRES et al., 1998).

Fig. 2. Arroz cultivado africano *Oryza glaberrima* Steud.



Fotos: Ariano Martins de Magalhães Júnior

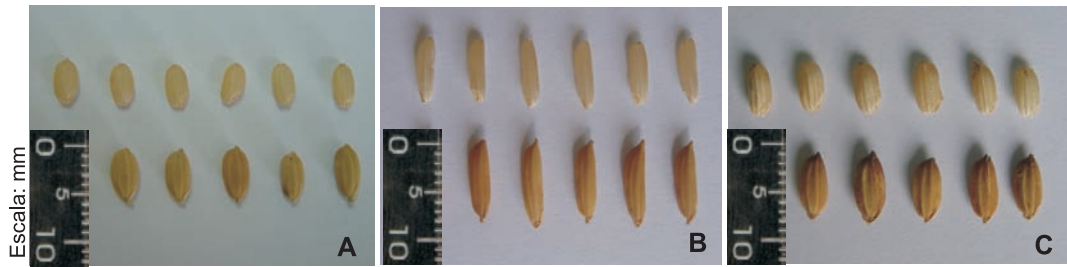


Fig. 3. Arroz cultivado asiático *Oryza sativa* L., pertencente aos grupos Japônica (A), Índica (B) e Javânica (C).

O gênero *Oryza* foi assim denominado por Linnaeus em 1753. O número haplóide de cromossomos do arroz foi determinado por Kuwada em 1910, porém somente na década de 1960 é que os caracteres que definiram o gênero foram estabelecidos (TATEOKA, 1964). A Tabela 1 apresenta uma lista de espécies do gênero *Oryza* com seus respectivos números de cromossomos, genomas e habitats preferenciais.

As principais características morfológicas do gênero *Oryza* são a presença de glumas estéreis rudimentares, espiguetas bissexuais e folhas estreitas, herbáceas com nervuras lineares e bordos serrilhados (VAUGHAN et al., 2003).

Botanicamente, esse gênero se caracteriza por apresentar espiguetas conectadas à ráquila e por conter uma única flor

Tabela 1. Espécies do gênero *Oryza* identificadas e catalogadas.

Complexo <i>Oryza</i>	Nº de cromossomos	Genoma	Hábitat usual
Grupo <i>Oryza</i>			
Complexo <i>Oryza sativa</i>			
<i>Oryza sativa</i> L.	24	AA	Terras altas a várzeas / aberto (ensolarado)
<i>O. rufipogon</i> (<i>O. nivara</i> para a forma anual e <i>O. rufipogon</i> para a perene)	24	AA	Anual: estação seca; perene: várzeas / aberto
<i>O. glaberrima</i> Steud	24	AA	Terras altas a várzeas / aberto (ensolarado)
<i>O. barthii</i> A. Chev.	24	AA	Regiões secas / aberto (ensolarado)
<i>O. longistaminata</i> Chev. et Roehr.	24	AA	Regiões secas a várzeas
<i>O. meridionalis</i> Ng	24	AA	Regiões secas / aberto (ensolarado)
<i>O. glumaepatula</i> Steud	24	AA	Áreas inundadas sujeitas a secas / aberto
Complexo <i>Oryza officinalis</i>			
<i>O. officinalis</i> Wal ex Watt.	24	CC	Regiões secas / aberto (ensolarado)
<i>O. minuta</i> JS Presl. Ex CB Presl.	48	BCC	Terras altas a várzeas e vice-versa / semi-sombreado
<i>O. rhizomatis</i> Vaughan	24	CC	Regiões secas / aberto (ensolarado)
<i>O. eichingeri</i> Peter	24	CC	Terras altas a várzeas e vice-versa; interior de florestas / semi-sombreado
<i>O. malapuzhaensis</i> Krishnaswamy e Chandrasakaran	48	BCC	Regiões secas; florestas pobres / semi-sombreado
<i>O. punctata</i> Kotschy ex Steud	24, 48	BB, BCC	Diplóide: Regiões secas / aberto (ensolarado); Tetraplóide: interior de florestas / semi-sombreado
<i>O. latifolia</i> Dsev.	48	CCDD	Regiões secas / aberto
<i>O. alta</i> Swallen	48	CCDD	Regiões inundadas / aberto (ensolarado)
<i>O. grandiglumis</i> (Doell) Prod.	48	CCDD	Regiões inundadas / aberto (ensolarado)
<i>O. australiensis</i> Domin	24	EE (ou DD)	Regiões secas / aberto (ensolarado)
Grupo <i>Ridleyanae Tateoka</i>			
<i>O. schlechteri</i> Pilger	48	Desconhecido	Beira de rios / aberto (ensolarado)
Complexo <i>Oryza ridleyi</i>			
<i>O. ridleyi</i> Hook.	48	HHJJ	Regiões inundadas no meio de florestas / sombreado
<i>O. longiglumis</i> Jansen	48	HHJJ	Regiões inundadas no meio de florestas / sombreado
Grupo <i>Granulata Roschev.</i>			
Complexo <i>ranulata</i>			
<i>O. granulata</i> Nees et Arn ex Watt	24	GG	Interior de florestas / sombreado
<i>O. meyeriana</i> (Zoll. Et Mor. Ex Steud.) Baill.	24	GG	Interior de florestas / sombreado
Grupo <i>Brachyantha B.R. Lu</i>			
<i>O. brachyantha</i> Chev. Et Roehr.	24	FF	Solos rochosos e pobres / aberto (ensolarado)

Fonte: Vaughan, Morishima, Kadowaki (2003), adaptado pelo autor.

terminal fértil, composta de duas glumelas florais (pálea e lema), seis estames, um estigma bifido e duas glumelas estéreis localizadas na base da flor (PEREIRA, 2002).

A espécie *O. sativa* caracteriza-se botanicamente por apresentar ramificações secundárias nas panículas, espiguetas persistentes no pedicelo e lígulas com até 10 mm de comprimento. Já a espécie *O. glaberrima* não apresenta ramificações secundárias nas panículas e caracteriza-se por possuir glumas e folhas glabras a ligeiramente ásperas, pericarpo vermelho e lígulas mais curtas do que *O. sativa* (PEREIRA, 2002).

Centros de origem e dispersão

O gênero *Oryza* tem sua origem e distribuição em várias partes do mundo, tais como: a) no continente asiático, onde são encontrados *O. sativa*, *O. granulata*, *O. meyeriana*, *O. nivara*, *O. rufipogon*, *O. minuta*, *O. rhizomatis*, entre outros; b) no continente africano, com destaque para *O. glaberrima*, *O. barthii*, *O. longistaminata*, *O. puctata*, *O. brachyantha*, entre outros; c) no continente americano, onde se encontram *O. glumaepatula*, *O. latifolia*, *O. alta*, *O. grandiglumis*; d) no continente australiano, com destaque para *O. australiensis* e *O. meridionalis* (VAUGHAN; CHANG, 1995).

A Tabela 2 apresenta, com destaque, espécies do gênero *Oryza*, sua provável origem e distribuição no mundo e alguns dos principais atributos que podem ser utilizados como fontes de genes para os programas de melhoramento genético do arroz.

Muito pouco se conhece sobre as espécies silvestres de *Oryza*, principalmente aquelas nativas da América do Sul. Os poucos estudos realizados com espécies sul-americanas utilizaram um número limitado de acessos, restritos geograficamente à região de Manaus, na Amazônia.

Recentemente, no entanto, expedições de coleta desenvolvidas em uma grande extensão de rios da Amazônia e do Pantanal Mato-Grossense recuperaram amostras populacionais de espécies silvestres de arroz nativas do Brasil (BUSO, 2005).

Embora a identificação, caracterização e manutenção das diferentes espécies do gênero *Oryza* sejam de fundamental relevância, o destaque, em termos de importância alimentar mundial, recai atualmente sobre as espécies *O. sativa* e *O. glaberrima*.

Tabela 2. Diferentes espécies do gênero *Oryza*, origem, distribuição e principais características genéticas.

Espécie	Origem e distribuição	Caráter de interesse no melhoramento genético
Complexo <i>Oryza sativa</i>		
<i>Oryza sativa</i>	Ásia; atualmente distribuído no mundo inteiro	Genes adaptativos ao cultivo
<i>O. rufipogon</i>	Ásia Tropical e Austrália	Resistência à ferrugem-da-folha
<i>O. glaberrima</i>	Oeste da África	Genes adaptativos ao cultivo
<i>O. barthii</i>	África	Tolerância à seca
<i>O. longistaminata</i>	África	Alta produção de pólen
<i>O. meridionalis</i>	Austrália tropical	Tolerância à seca
<i>O. nivara</i>	Ásia tropical	Resistência ao vírus do retardamento (<i>stunt</i>)
<i>O. glumaepatula</i>	América Central e América do Sul	Alongamento do colmo / arroz de águas profundas
Complexo <i>Oryza officinalis</i>		
<i>O. officinalis</i>	Ásia Tropical	Múltiplas resistências a pragas
<i>O. minuta</i>	Filipinas	Resistência à brusone
<i>O. rhizomatis</i>	Sri Lanka	Resistência à seca
<i>O. eichingeri</i>	Sri Lanka	Múltiplas resistências a pragas
<i>O. malapuzhaensis</i>	Sudeste da Índia	Tolerância ao sombreamento
<i>O. punctata</i>	África	Múltiplas resistências a pragas
<i>O. latifolia</i>	América Latina	Resistência ao vírus do tungro
<i>O. alta</i>	América Latina	Alta produção de biomassa
<i>O. grandiglumis</i>	América do Sul	Alta produção de biomassa
<i>O. australiensis</i>	Austrália	Resistência à seca
Complexo <i>O. ridleyi</i>		
<i>O. ridleyi</i>	Sudeste da Ásia	Resistência à lagarta do colmo
<i>O. longiglumis</i>	Indonésia, Papua-Nova Guiné	Resistência à brusone
Complexo <i>O. granulata</i>		
<i>O. granulata</i>	Sul e Sudeste da Ásia	Tolerância ao sombreamento
<i>O. meyeriana</i>	Sudeste da Ásia	Tolerância ao sombreamento
<i>O. brachyantha</i>	África	Resistência à lagarta do colmo
<i>O. schlechteri</i>	Indonésia, Papua-Nova Guiné	Estolonífera

Fonte: Vaughan e Sitch (1991), adaptado pelo autor.

Oryza sativa

Postula-se que o arroz asiático (*Oryza sativa*) seja originário da Ásia, no entanto, não se sabe com precisão o país onde foi domesticada essa espécie, embora existam fortes evidências de que seu centro de origem seja o sudeste asiático, mais precisamente na região compreendida entre a Índia e Mianmar (antiga Birmânia), em virtude da rica diversidade de formas cultivadas desse arroz ali encontrada (GRIST, 1978; PEREIRA, 2002). Segundo alguns historiadores, sua origem e domesticação deram-se provavelmente no sul da Índia, onde se encontram as condições de solos mais favoráveis para o seu cultivo. Escritos indianos de 1300 e 1000 a.C. descrevem certas práticas agronômicas, como o transplante, e exibem uma classificação agronômica e alimentícia do arroz.

Atualmente, é admitido que o arroz se propagou desde o sudeste asiático e a Índia, até a China, há cerca de 3 mil anos a.C. Estudos informam que os mais antigos resquícios de grãos de arroz foram identificados na China, encontrados no vale do Rio Yang-Tsé-Kiang, e datados do período compreendido entre 3395 e 2000 a.C. (CHANG, 1976b). Isso não significa, no entanto, que seu cultivo não era praticado antes dessa época (PEREIRA, 2002). Escavações realizadas em Pengtoushan, localidade situada cerca de 200 km à nordeste de Changsha, na China, revelaram restos de arroz com 8 mil anos (NATIONAL GEOGRAPHIC SOCIETY, 1994). Assim, considerando esses dados, é estimado que o cultivo de arroz na China antecedeu em pelo menos mil anos o da Índia (PEREIRA, 2002).

Da China, o arroz foi introduzido na Coréia e, posteriormente, no Japão. É igualmente provável que, do sul da China, o arroz tenha sido introduzido nas Filipinas, onde é cultivado há 2 mil anos. Paralelamente, através do sul da Índia, pela rota da Malásia, o arroz foi introduzido na Indonésia, onde documentos comprovam seu cultivo em 1.800 anos a.C. Também a partir da Índia, o arroz chegou ao Ceilão, onde foi cultivado inicialmente no sistema de sequeiro.

A introdução de *O. sativa* na Ásia Ocidental e no Mediterrâneo é mais recente e ocorreu durante o Império Persa. Através da Pérsia, o seu principal ponto de expansão a oeste da Índia, o arroz chegou ao Turquistão e depois à Mesopotâmia e à Arábia (SILVA, 1956). A continuação de sua implantação estendeu-se à Turquia e à Síria. A chegada desse cultivo na Grécia, Irã e Babilônia, segundo alguns historiadores, deu-se em consequência das invasões de Alexandre Magno, no ano 320 a.C.

A expansão do cultivo pelos árabes foi muito importante (TERRES et al., 1998), sendo levado para o delta do Rio Nilo, no Egito, para a costa oriental africana e, em seguida, para o Marrocos e para a Espanha, de onde se espalhou para vários países vizinhos. Segundo Lu e Chang (1980), o arroz somente chegou à Espanha e à Sicília por volta de 883 d.C. Sevilha tornou-se o centro a partir do qual se disseminaria o arroz para o sul da Espanha, para a Itália e para Portugal. Posteriormente, foi introduzido na América pelos espanhóis e, no Brasil, pelos portugueses, no início do século 16, onde se tornou um dos principais alimentos de consumo interno. Jennings (1961) relata que, em 1580, já se cultivava arroz no Vale do Rio Madalena, na Colômbia, e essa introdução teria sido realizada pelos espanhóis.

No Brasil, a presença do arroz remonta à época do descobrimento. Esse cereal constava no cardápio dos descobridores e também já era utilizado na alimentação das populações locais (PEREIRA, 2002). No entanto, estudos indicam que o arroz cultivado e consumido no Brasil, antes da chegada dos portugueses, não se tratava de *O. sativa* originário da Ásia, mas de espécies nativas da América do Sul (SILVA, 1950a). Essas espécies silvestres ainda podem ser encontradas no Pantanal Mato-Grossense e às margens dos igarapés, sobretudo na Amazônia (PEREIRA, 2002). O arroz era conhecido pelos índios tupis como *auatiapé* (*auati* = milho; *apé* = com casca), *abatiapé* (*abati* = milho; *apé* = com casca) e *abatii* (*abati* = milho; *i* = miúdo).

As maiores dúvidas persistem quanto ao ano preciso e à localidade em que o arroz cultivado, de origem asiática

(*O. sativa*), foi primeiramente plantado no Brasil, sendo quase certo, entretanto, que tal introdução ocorreu na Bahia (SILVA, 1950b), pelos portugueses de Cabo Verde, em uma época anterior a 1587. Dessa região, o arroz se espalhou pelos estados do Maranhão, de Pernambuco e do Pará, onde foi cultivado durante muitos anos, sendo sua produção, na época, exportada para Portugal. No entanto, Pereira (2002) relata que é quase certo que a primeira introdução de arroz no Estado do Maranhão e do Grão-Pará (antigo nome do Estado do Pará) foi realizada por intermédio dos açorianos, sendo a variedade conhecida como arroz vermelho, arroz-da-terra ou arroz-de-veneza.

O arroz branco, também conhecido como arroz-da-carolina, foi introduzido no Brasil colonial como um produto que visava à exportação para Portugal. Esse arroz, proveniente do Estado da Carolina do Sul, nos Estados Unidos, teve excelente adaptação às condições tanto de clima como de solo no Brasil (CARNEY; MARIN, 1999).

Com o tempo, os colonizadores portugueses levaram o arroz cultivado nas regiões Norte e Nordeste para outros estados brasileiros, onde encontraram adaptação e expansão. A cultura do arroz começou a surgir no cenário agrícola do Rio Grande do Sul, a partir de 1824, com a chegada dos colonos alemães a São Leopoldo, onde foi plantada a princípio como lavoura de sequeiro (BRANDÃO, 1972). No entanto, a produção orizícola, ao final do século 19, se restringia basicamente a algumas colônias alemãs, objetivando basicamente a subsistência. Mediante o uso de "rodas de caçamba" ou de bombas, surgiram as primeiras lavouras irrigadas no início do século 20. Às margens do Arroio Pelotas, em 1903, teriam início os primeiros cultivos com instalações de levante mecânico, para irrigação das lavouras (TERRES et al., 1998). O elevado senso de tecnicismo já apresentado pelos pioneiros da orizicultura gaúcha explicaria o porquê de o Estado do Rio Grande do Sul vir a se tornar, algumas décadas mais tarde, o maior produtor de arroz do Brasil (PEREIRA, 2002).

Atualmente, o Rio Grande do Sul é responsável por cerca de 50 % do arroz produzido no País (AZAMBUJA et al., 2004), em uma área de aproximadamente um milhão de hectares, com produtividade média de 6.500 kg ha⁻¹.

Subespécies de *Oryza sativa*

Com o processo evolutivo e a domesticação a que foi submetido *O. sativa*, ao longo do tempo, foram surgindo inúmeros tipos geneticamente divergentes, os quais foram se adaptando às mais variadas condições agroecológicas no mundo. Assim sendo, com base na distribuição geográfica, na morfologia da planta e do grão, na esterilidade dos cruzamentos (híbridos) e em outras características, em 1928, essa espécie foi classificada em duas principais subespécies, grupos ou raças ecogeográficas, denominadas Índica (hsien) e Japônica (keng). Posteriormente, na década de 1950, a essa subdivisão seria acrescentada a subespécie Javânica (LU; CHANG, 1980), cujos grãos podem ser observadas na Fig. 3 deste capítulo. Atualmente, as subdivisões incluem o grupo Aus e o Aromático rayada e ashina (GLASZMAN, 1987; GARRIS et al., 2005).

Grupo Índica: Morfologicamente, este grupo se caracteriza, em geral, por possuir colmos longos, alta capacidade de perfilhamento, folhas longas e decumbentes e ciclo tardio (DALRYMPLE, 1986). No entanto, em virtude do grande esforço alocado nos programas de melhoramento genético nas mais distintas instituições de pesquisa, essas características encontram-se bastante modificadas. Este grupo é o mais amplamente utilizado no Sri Lanka, nas regiões Sudeste e Central da China, na Índia, em Java, no Paquistão, nas Filipinas, em Taiwan e nas regiões tropicais, de um modo geral (PEREIRA, 2002). A maioria das variedades de arroz irrigado cultivado no Brasil está incluída neste grupo e são resultados de seleções locais e de cruzamentos de genótipos

com gene de nanismo introduzidos dos programas de melhoramento do Irri e do Ciat (PINHEIRO, 1998).

Grupo Japônica: Inclui genótipos com colmos curtos e rígidos, mediana capacidade de perfilhamento, folhas estreitas de cor verde-escura e ciclo geralmente curto. Este grupo varietal é amplamente cultivado nas regiões temperadas (nordeste e leste da China, Japão e Coréia). Até a década de 1970, as variedades tradicionais de arroz de sequeiro no Brasil tinham como base genética este grupo (PINHEIRO, 1998).

Grupo Javânica ou Japônica Tropical: Subespécie cujas plantas apresentam, em geral, folhas largas, rígidas e de cor verde-clara, baixa capacidade de perfilhamento, colmos longos, grãos largos e espessos, glumas pilosas e pequena sensibilidade ao fotoperíodo, parecendo se tratar do resultado de seleção do grupo Índica (CHANG, 1976b).

Grupo Aus: Considerado um ecótipo da subespécie Índica, é caracterizado por tolerância à seca e pela maturação precoce, sendo cultivado em Bangladesh durante o verão de março a junho (GARRIS et al., 2005).

Grupos Rayada e Ashina: São tipos flutuantes de Bangladesh e da Índia, respectivamente (GARRIS et al., 2005).

Grupo Aromático: Neste grupo estão inclusos os tipos Basmati do Paquistão, do Nepal e da Índia e Sadri do Irã. Possuem aroma que se assemelha ao da pipoca, e são mais valorizados por essa sua qualidade (GARRIS et al., 2005).

Oryza glaberrima

O arroz africano teve origem na África Ocidental (CARNEY; MARIN, 2004), onde se encontra praticamente restrita sua área de exploração e consumo, mais precisamente no delta central do Níger. Segundo alguns historiadores, há evidências de que o cultivo deste arroz tenha começado

cerca de 1.500 anos a.C. Posteriormente, com a introdução do arroz asiático pelos portugueses e holandeses, na costa da África Ocidental, ocorreu a substituição do cultivo do arroz africano pelo asiático, por causa da sua melhor adaptação e por apresentar cariópse branca, uma vez que, de uma maneira geral, *O. glaberrima* possui cariópse com coloração vermelha. Essa característica de natureza genética é controlada pelo gene *Rd*, localizado no cromossomo 1 do genoma do arroz (RANGEL, 1998).

É presumido que estas duas espécies de arroz cultivado, o asiático e o africano, devam ter um ancestral comum, mas não há, até o momento, um consenso quanto à conexão evolutiva entre eles. Tem sido proposto, como provável progenitor comum, o arroz *O. perennis* ou *O. rufipogon*. Porém, qualquer que seja seu ancestral comum, parece claro que as duas formas de domesticação ocorreram de modo paralelo e independente (PEREIRA, 2002).

A espécie *O. glaberrima* foi domesticada e cultivada por milênios em muitas regiões da África Ocidental. Os escravos africanos trazidos dessas regiões, que conheciam as técnicas inerentes a seu cultivo, tiveram um papel crucial em sua propagação nos diversificados ambientes do Novo Mundo e em sua adaptação como produto básico no regime alimentício americano. A existência desse arroz africano foi ignorada por mais de 400 anos. Somente na segunda metade do século 20, os cientistas aceitaram as provas de que *O. glaberrima* fosse uma espécie diferente daquela domesticada na Ásia (CARNEY; MARIN, 2004). Os negros vindos da África Ocidental já detinham o conhecimento associado ao cultivo do arroz e se alimentavam desse grão em suas áreas de origem. Assim, sua introdução nas Américas, como um cultivo de subsistência, ocorreu por motivos culturais. A memória da importância cultural do arroz permanece hoje nas lendas dos quilombolas do Suriname, da Guiana Francesa e, em especial, do Brasil. Nessas lendas, a mulher africana traz os grãos entre os cabelos, e os negros são os responsáveis pela introdução do cultivo.

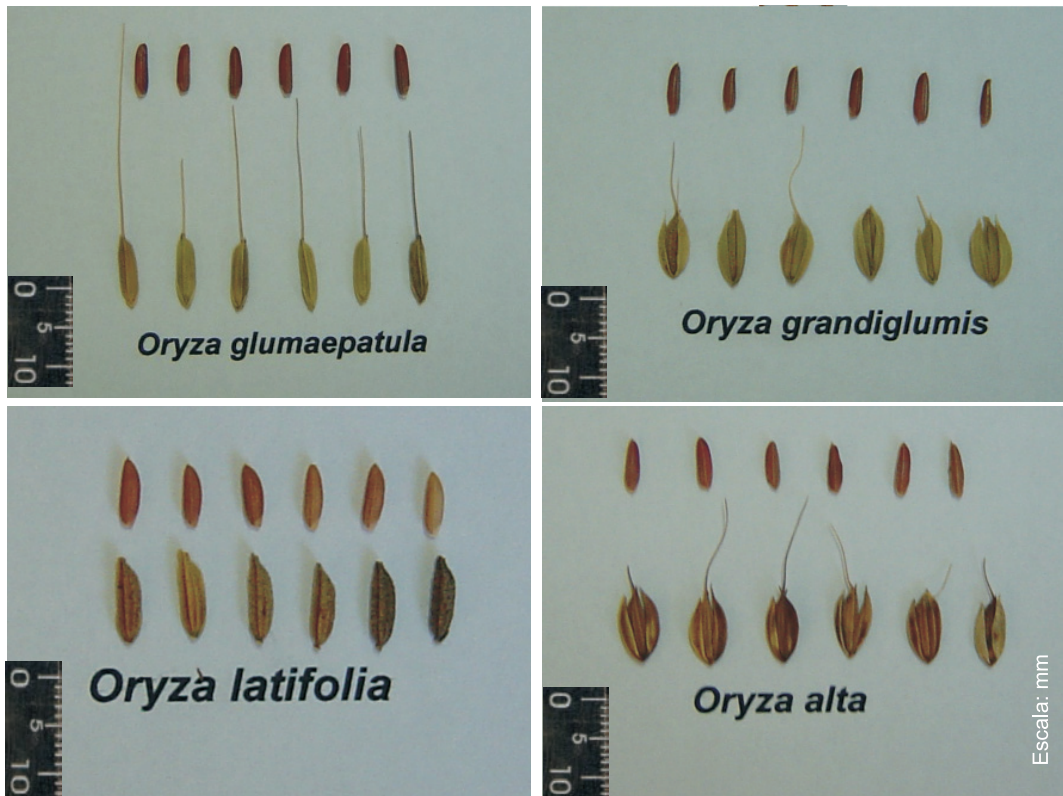
Pouco depois, o cultivo do arroz vermelho tornou-se uma preocupação oficial para os governantes portugueses. Em decreto de 1772, Portugal instituiu a pena de um ano de prisão e multa para os brancos que plantassem esse arroz, e de dois anos para negros e índios. As razões para essa medida legal não estão esclarecidas, mas admitindo que essa variedade vermelha fosse *O. glaberrima*, supõe-se que foi proibida porque seus grãos quebram-se mais facilmente na debulha. Assim, a mistura desse arroz com o do tipo branco (*O. sativa*) resultaria em maior percentual de grãos quebrados, reduzindo os preços do cereal nos mercados europeus (CARNEY; MARIN, 2004).

Pereira (2002) também faz alusão ao cultivo de arroz vermelho no Maranhão, a uma variedade denominada arroz-da-terra, arroz-de-veneza, Mineiro ou Venez, cujo cultivo foi praticamente extinto em virtude da substituição pelo arroz branco, porém ressalta-se que se trata de variedade pertencente à espécie *O. sativa*.

Arroz silvestre nativo do Brasil

Os trabalhos de coleta e identificação realizados nos últimos anos (Fig. 4) confirmam que o arroz silvestre nativo do Brasil pertence, na realidade, a diversas espécies, entre as quais encontram-se *O. glumaepatula*, *O. grandiglumis*, *O. latifolia* e *O. alta* (RANGEL, 1998; POTT; POTT, 2000).

O. glumaepatula tem uma ampla distribuição e é raramente encontrado em locais fora da água. Cresce às margens dos rios e lagos e sua presença está relacionada com a incidência direta de luz. Vulgarmente essa espécie é conhecida como arroz flutuante (RANGEL, 1998). Em resposta à elevação do nível da água dos rios, ocorre um rápido alongamento dos seus entrenós, fazendo que as plantas atinjam uma altura de até 7 metros. Ao se quebrarem, formam grandes populações flutuantes. *O. grandiglumis* é encontrado no oeste da Amazônia, nas



Fotos: Ariano de Magalhães Júnior

Fig. 4. Arroz silvestre nativo encontrado no Brasil, pertencente às espécies *O. glumaepatula*, *O. grandiglumis*, *O. latifolia* e *O. alta*.

bacias hidrográficas dos rios Solimões, Negro, Japurá, Purus e Madeira. Sua presença está relacionada, principalmente, a locais sombreados nas proximidades ou dentro dos sub-bosques da floresta. Seu crescimento inicia-se por meio das brotações de órgãos vegetativos, como colmos. Em seguida, ocorre o alongamento dos entrenós, à semelhança de *O. glumaepatula*, com a diferença de que a planta permanece presa no solo até o final do ciclo (RANGEL, 1998). *O. latifolia* está restrita à bacia do Rio Paraguai, no Pantanal Mato-Grossense, enquanto *O. alta* tem uma ampla distribuição no Brasil, podendo ser encontrada na Bacia Amazônica, na Região Nordeste (Maranhão) e na Região Sudeste (Floresta Tropical Atlântica). Recentemente, em coleta realizada no Município de Campo Maior (Piauí), o botânico S. A. Renvoize (Royal Botanic Garden, Kew), especialista em Poaceae, identificou a espécie coletada como *O. ruffipogon* (PEREIRA, 2002).

Genomas descritos

Estudos genéticos, citogenéticos e moleculares relatavam, até algum tempo atrás, a existência de cinco genomas distintos no gênero *Oryza*, denominados, em nível diplóide, de AA, BB, CC, EE e FF, além de dois genomas anfidiplóides, denominados BBCC e CCDD (FERREIRA, 1997). Sabe-se que o estudo de genética de populações, assim como sua evolução e filogenia, é bastante complexo e tende a ser alterado em função de novas técnicas de análises, bem como de coletas de genótipos silvestres ainda não explorados. Além disso, o estudo e a utilização dos genótipos dependem de sua correta classificação e caracterização. Atualmente, Vaughan et al. (2003) relatam a existência do diplóide GG e do genoma anfidiplóide HHJJ.

No genoma AA das espécies *Oryza*, parece que a seleção natural e a seleção artificial realizada pelo homem tiveram diferentes conseqüências genéticas. O arroz asiático cultivado (*Oryza sativa*) evoluiu da espécie silvestre *O. rufipogon*, genoma silvestre AA de arroz que inclui ecótipos perenes e anuais. Em virtude do processo de seleção, atualmente, *O. sativa* sofreu as maiores mudanças evolutivas, denominadas de síndrome da domesticação. Esse grupo difere das demais espécies com genoma AA, pelos caracteres de ligação multifatorial comum entre os cereais domesticados (VAUGHAN et al., 2003). O arroz daninho, vulgarmente denominado de arroz vermelho ou preto, também está classificado como *O. sativa*, e seu controle tem constituído um grande problema mundial, principalmente sob sistema de semeadura (convencional, direta e cultivo mínimo). Essa planta daninha possui genoma AA e apresenta fácil debulha, deixando um banco de sementes no solo e, conseqüentemente, infestando o plantio de arroz cultivado subsequente. Watanabe et al. (2000) sugerem que esse arroz daninho surgiu pela degeneração do arroz domesticado.

Estudos recentes em espécies do genoma AA confirmaram a proximidade de *O. nivara*, *O. rufipogon* e *O. sativa*. O acesso australiano de *O. meridionalis* é o material mais distante entre as espécies que compõem o complexo *O. sativa* (BUSO, 2005).

Pouco se conhece a respeito do arroz nativo do Brasil, bem como das espécies silvestres de arroz da América Tropical. Os genomas observados nas espécies nativas da América Tropical têm sido o genoma diplóide AA e o genoma anfidiplóide CCDD. Com base nessa classificação, observa-se que o genoma D não foi encontrado na condição diplóide em nenhum lugar do mundo. Existe a possibilidade, segundo alguns cientistas, de que a condição diplóide se encontre extinta ou talvez não tenha sido reconhecido, ou ainda não tenha sido coletada. Postula-se, também, que o genoma D pode ocorrer na condição anfidiplóide, juntamente com o genoma C, mas apenas em espécies silvestres de arroz da América Tropical, como é o caso de *O. latifolia*, *O. alta* e *O. grandiglumis*. O genoma C ocorre na África e na Ásia na condição diplóide, porém nunca foi encontrado como tal na América Tropical. Considerando esses fatos, parece lógico supor que os genomas CC e DD possam ocorrer na América Tropical, o que poderia explicar a própria origem do genoma anfidiplóide CCDD (FERREIRA, 1997).

Dentro desse contexto, fica evidente a dificuldade de se estabelecer, sem controvérsias e com precisão, um agrupamento de espécies do gênero *Oryza*, uma vez que muitas foram caracterizadas por descritores morfológicos, os quais podem variar em função do ambiente. Por meio da biotecnologia e do uso de análises de DNA (citometria de fluxo e marcadores moleculares), será possível estabelecer novas classificações do gênero (MAGALHÃES JUNIOR et al., 2004). Em outras palavras, o próprio avanço do conhecimento de genes, indivíduos, espécies e comunidades é que levará a um maior conhecimento da diversidade do arroz.

Referências

- ANDRES, A.; MACHADO, S. L. O. Plantas daninhas em arroz irrigado. In: GOMES, A. da S.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. de (Ed.). **A cultura do arroz irrigado no Sul do Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2004. p. 457-546.
- AZAMBUJA, I. H. V.; VERNETTI JÚNIOR; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. de. Aspectos socioeconômicos da produção do arroz. In: GOMES, A. da S.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. de (Ed.). **A cultura do arroz irrigado no Sul do Brasil**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2004. p. 23-44.
- BASE DE DADOS TROPICAL. **Biodiversidade: perspectivas e oportunidades tecnológicas**. Disponível em: <<http://www.bdt.fat.org.br/publicacoes/padct/bio/cap8/3/meliasco.html>>. Acesso em: 21 nov. 2005.
- BOTELHO, C. **O arroz**. São Paulo: Typografia Levi, 1914. 525 p.
- BRANDÃO, S. S. Cultura do arroz. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1972. 194 p.
- BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, R. P. V.; FERREIRA, M. E. QTL mapping and introgression of yield-related traits from *Oryza glumaepatula* to cultivated rice (*Oryza sativa*) using microsatellite markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, n. 6-7, p. 1192-1203, 2002.
- BUSO, G. S. C. **Análise genética de espécies silvestres de arroz (*Oryza spp.*) nativas do Brasil: estrutura de populações, diversidade genética e relações filogenéticas utilizando marcadores moleculares**. Disponível em: <<http://www.unb.br/ib/cel/biomol>>. Acesso em: 5 out. 2005.
- CARNEY, J. A.; MARIN, R. A. Aportes dos escravos na história do cultivo do arroz africano nas Américas. **Estudos Sociedade e Agricultura**, Rio de Janeiro, n. 12, p. 113-133, 1999.
- CARNEY, J. A.; MARIN, R. A. Saberes agrícolas dos escravos africanos no Novo Mundo. **Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 35, n. 205, p. 26-33, 2004.
- CHANG, T. T. The origin, evolution, cultivation, dissemination and diversification of asian and african rices. **Euphytica**, Wageningen, v. 25, n. 2, p. 425-441, 1976b.
- CHANG, T. T. The rice cultures. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences**, London, v. 275, n. 936, p. 143-157, 1976a.
- CHANG, T. T.; LI, C. C. Genetics and breeding. In : LUH, B. S. **Rice: production and utilization**. Westport: AVI, 1980. p. 87-146.
- COUNCE, P. A.; KEISLING, T. C.; MITCHELL, A. J. A uniform, objective, and adaptative system for expressing rice development. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 436-443, 2000.
- DALRYMPLE, D. G. **Development and spread of high-yielding rice varieties in development countries**. Washington: Agency for Development, 1986. 117 p.
- EMBRAPA. **Banco ativo de germoplasma**. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/pdet/laboratorio/bag/index.htm>>. Acesso em: 1 nov. 2005.
- FAO. Cómo alimentar a 4000 millones de personas: el desafío para la investigación sobre el arroz en el siglo XXI. **Geojournal**. Disponível em: <<http://www.fao.org/docrep/V6017t/V6017T11.htm>>. Acesso em: 15 jul. 2000.
- FERREIRA, M. E. Emprego de análise genômica na conservação de germoplasma e melhoramento genético de arroz. In: REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 22., 1997, Balneário Camboriú, SC. **Palestras...** Itajaí: EPAGRI, 1997. 97 p.

FONSECA, J. R.; CASTRO, E. M.; SILVEIRA, P. M. **Características botânicas e agronômicas de cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.)**. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 2001. 41 p. (EMBRAPA-CNPAP. Documentos, 130).

FREIRE, M. S.; MORALES, E. A. V.; BATISTA, M. F. Diversidade genética. In : VIEIRA, N. R. A.; SANTOS, A. B.; SANT'ANA, E. P. **A cultura do arroz no Brasil**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 1999. p. 559-581.

GALLI, J.; TERRES, A. L.; GASTAL, F. L. C. Origem, histórico e caracterização da planta de arroz. In: EMBRAPA. **Fundamentos para a cultura do arroz irrigado**. Campinas: Fundação Cargill, 1985. p. 1-14.

GARRIS, A. J.; TAI, T. H.; COBURN, J.; KRESOVICH, S., McCOUCH, S. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. **Genetics**, Baltimore, v. 169, n. 3, p. 1631-1638, 2005.

GLASZMANN, J. C. Isozymes and classification of asian rice varieties. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 74, n. 1, p. 21-30, 1987.

GOMES, A. da S.; MAGALHÃES JUNIOR, A. M. de. **Arroz irrigado no Sul do Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2004. 899 p.

GRECO, R. et al. Transposon insertional mutagenesis in rice. **Plant Physiology**, Rockville, v. 125, n. 3, p. 1175-1177. 2001.

GRIST, D. H. **Rice**. 5. ed. London: Longman, 1978. 601 p.

IBGE. **Levantamento sistemático da produção agrícola**. Rio de Janeiro, 2004. v. 14, n. 2, p.1-76.

IRRI. **Catalog of descriptors for rice (*Oryza sativa* L.)** Manila: IRRI/IBPGR, 1980. 21 p.

IRRI. **International rice genebank**. Disponível em: <<http://www.irri.org/GRC/irg/biodiv-genebank.htm>>. Acesso em: 1 nov. 2005.

JENNINGS, P. R.; COFFMAN, W. R.; KAUFFMAN, H. E. Breeding for agronomic and morphological characteristics. In: IRRI. **Rice improvement**. Los Banos: IRRI, 1979. p. 91-94.

JENNINGS, P. R. Historia del cultivo del arroz en Colombia. **Agricultura Tropical**, Bogotá, v. 17, n. 2, p. 79-89, 1961.

LU, B. R.; CHANG, T. T. Rice in its temporal and apatial perspectives. In: LUH, B. S. **Rice: production and utilization**. Westport: AVI, 1980. p. 1-74.

MAGALHÃES JUNIOR, A. M. de; ANDRES, A.; FRANCO, D. F.; SILVA, M. P.; ABREU, A.; LUZZARDI, R.; COIMBRA, J. Avaliação do fluxo gênico entre genótipos de arroz transgênico, cultivado e arroz vermelho. In : CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, 2.; REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 24., 2001, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: IRGA, 2001. p. 768-771.

MAGALHÃES JUNIOR, A. M. de; FAGUNDES, P. R.; FRANCO, D. F. Melhoramento genético, biotecnologia e cultivares de arroz irrigado. In: MAGALHÃES JUNIOR, A. M. de; GOMES, A. da S. **Arroz irrigado: melhoramento genético, manejo do solo e da água e prognóstico climático**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2003. p. 13-33. (Embrapa Clima Temperado. Documentos, 113).

MAGALHÃES JUNIOR, A. M. de; TERRES, A. L.; FAGUNDES, P. R.; FRANCO, D. F.; ANDRES, A. Aspectos genéticos, morfológicos e de desenvolvimento de plantas de arroz irrigado. In: GOMES, A. da S.; MAGALHÃES JUNIOR, A. M. de **Arroz irrigado no Sul do Brasil**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2004. p. 143-160.

MARGIS, M. P. **A biotecnologia na agricultura: o melhoramento genético do arroz**. Conselho de Informações sobre Biotecnologia – CIB. Disponível em: <http://www.cib.org.br/pdf/biotecnologia_na_agricultura_marcia_margis.pdf>. Acesso em: 21 out. 2005.

- NATIONAL GEOGRAPHIC SOCIETY. **Rice: the essential harvest**. Washington, 1994. 79 p.
- NEDEL, J. L.; SCHUCH, L. O. B.; ASSIS, F. N.; CARMONA, P. S. A planta de arroz: morfologia e fisiologia. In: PESKE, S. T.; SCHUCH, L. O. B.; BARROS, A. C. S. A. (Ed.). **Produção de arroz irrigado**. Pelotas: UFPel, 2004. p. 17-62.
- OELKE, E. A.; PORTER, R. A.; GROMBACHER, A. W.; ADDIS, P. B. Wild rice - new interest in an old crop. **Cereal Foods World**, St. Paul, v. 42, n. 4, p. 234-247, 1997.
- PEREIRA, A. A transgenic perspective on plant functional genomics. **Transgenic Research**, Dordrecht, v. 9, n. 4-5, p. 245-260, 2000.
- PEREIRA, J. A. **Cultura do arroz no Brasil: subsídios para a sua história**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2002. 226 p.
- PESKE, S. T.; SCHUCH, L. O. B.; BARROS, A. C. S. A. (Ed.). **Produção de arroz irrigado**. Pelotas: UFPel, 2004. 623 p.
- PHILLIPS, R. L.; ODLAND, W. E.; KAHLER, A. L. Rice as reference genome and more. In: INTERNATIONAL RICE GENETICS SYMPOSIUM, 5., Manila, 2005. **A platform for exploring developments in rice genetics and their applications: abstracts...** Manila, Philippines: International Rice Research Institute, 2005. p. 1.
- PINHEIRO, B. da S. **Morfologia e crescimento da planta de arroz**. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1998. Não paginado. Palestra apresentada no I Curso Internacional de Melhoramento Genético de Arroz, Goiânia, mar. 1998.
- POTT, V. J.; POTT, A. **Plantas aquáticas do Pantanal**. Brasília, DF: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000. 404 p.
- PUGA, N. T.; NASS, L. L.; AZEVEDO, J. L. **Glossário de biotecnologia vegetal**. São Paulo: Manole, 1991. 82 p.
- RANGEL, P. H. N. **Origem e evolução do arroz**. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1998. Não paginado. Palestra apresentada no I Curso Internacional de Melhoramento Genético de Arroz, Goiânia, mar. 1998.
- RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, C.; MORAIS, O. P.; SCHIOCCHET, M. A.; BORBA, T. C. O.; RANGEL, P. N.; BRONDANI, R. P. V.; FAGUNDES, P. R. R.; YOKOYAMA, S.; BACHA, R. E.; ISHIY, T. Obtenção da cultivar de arroz irrigado SCSBRS Tio Taka através da seleção recorrente. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, 3. ; REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 26., 2005, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: UFSM, 2005. p. 195-197.
- RANGEL, P. H. N.; GUIMARÃES, E. P.; NEVES, P. C. F. N. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 31, n. 5, p. 349-357, 1996.
- RANGEL, P. H. N.; NEVES, P. C. F. **Seleção recorrente em arroz irrigado no Brasil: guia prático**. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1995. 24 p. (EMBRAPA-CNPAP. Documentos, 53).
- SANTOS, A. B. Cultivo da soca de arroz irrigado. In: MAGALHÃES JUNIOR, A. M. de; GOMES, A. S.; SANTOS, A. B. (Ed.). **Sistema de cultivo de arroz irrigado no Brasil**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2004. p. 241-254. (Embrapa Clima Temperado. Sistema de Produção, 3).
- SILVA, M. V. Elementos para a história do arroz no Brasil. **Lavoura Arrozeira**, Porto Alegre, v. 4, n. 39, p. 11-16, 1950a.
- SILVA, M. V. Elementos para a história do arroz no Brasil. **Lavoura Arrozeira**, Porto Alegre, v. 4, n. 39, p. 19-23, 1950b.

- SILVA, M. V. O melhoramento do arroz em Portugal. **Vida Agrícola**, Lisboa, v. 19, não paginado, 1956.
- STEINMETZ, S.; FAGUNDES, P. R. R. Diferenciação da panícula (DP). In : GOMES, A. S.; PETRINI, J. A.; FAGUNDES, P. R. R. (Ed.). **Manejo racional da cultura do arroz irrigado**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2004. p. 119-123.
- TATEOKA, T. Notes on some grasses. 16. Embryo structure of genus *Oryza* in relation to systematics. **American Journal of Botany**, Columbus, v. 51, n. 2, p. 539-543, 1964.
- TERRES, A. L.; GALLI, J.; FAGUNDES, P. R. R.; MACHADO, M. O.; MAGALHÃES JUNIOR, A. M. de; MARTINS, J. F.; NUNES, C. D. M.; FRANCO, D. F.; AZAMBUJA, I. H. V. **Arroz irrigado no Rio Grande do Sul** : generalidades e cultivares. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 1998. 58 p. (Embrapa Clima Temperado. Circular Técnica, 14).
- VAUGHAN, D. A.; CHANG, T. T. Collecting the rice gene pool. In : GUARINO, L.; RAMANATHA RAO, V.; REID, R. **Collecting plant genetic diversity**: technical guidelines. Wallingford: CAB International, 1995. p. 659-675.
- VAUGHAN, D. A.; MORISHIMA, H.; KADOWAKI, K. Diversity in the *Oryza* genus. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 6, n. 2, p.139-146, 2003.
- VAUGHAN, D. A.; SITCH, L. A. Gene flow from the jungle to farmers: wild-rice genetic resources and their uses. **BioScience**, Washington, v. 42, n. 1, p. 22-28, 1991.
- WATANABE, H.; VAUGHAN, D. A.; TOMOOKA, N. Weedy rice complexes: cases studies from Malaysia, Vietnam and Suriname. In: BAKI, B. B.; CHIN, D. V.; MORTIMER, M. (Ed.). **Wild and weedy rice in rice ecosystems in Asia**: a review. Los Baños: IRRI, 2000. p. 25-34. (IRRI. Limited Proceedings, n. 2).
- WET, J. M. J. de; OELKE, E. A. Domestication of American wild rice (*Zizania aquatica* L., Gramineae). **Journal d'Agriculture Traditionelle et de Botanique Appliqué**, Paris, v. 25, p. 67-84, 1978.
- WILSON, D. Culture, conservation, and biodiversity: the social dimension of linking local-level development and conservation through protected areas. **Society and Natural Resources**, Philadelphia, v. 10, n. 6, p. 595-597, 1997.



Aveia

De vilã a heroína, a domesticação de uma planta invasora

Foto: Rosa Lía Barbieri



Aveia

Rosa Lía Barbieri

A maior parte da produção mundial de aveia é usada para alimentação animal, na forma de grão, pastagem, forragem, palha e silagem. A aveia é usada também pela indústria cosmética, entrando na composição de hidratantes, esfoliantes, óleos para o corpo, sabonetes e xampus. O cultivo da aveia também é explorado como cobertura do solo, reduzindo a erosão e aumentando a qualidade da estrutura física e de fertilidade, com a incorporação dos resíduos da planta. Da casca do grão é extraído o furfural, empregado como solvente na produção de náilon, óleo refinado e em alguns processos industriais.

O consumo de aveia na alimentação humana, na forma de farinha, flocos, cereais matinais, mingaus, barras de cereais e biscoitos, vem aumentando aceleradamente nos últimos anos, como consequência da busca por uma alimentação mais saudável. O grão contém a maior quantidade de proteína entre os cereais consumidos na alimentação humana, em torno de 20 %, dependendo da cultivar.

O conteúdo de gordura, altamente insaturada, de 5 % a 9 %, é o mais elevado entre os cereais (VAUGHAN; GEISSLER, 1997). A aveia é uma excelente fonte de fibras solúveis em água (betaglucanas), o que contribui para a redução do índice de colesterol no sangue dos consumidores.

Taxonomia e citogenética

O gênero *Avena* é composto por espécies silvestres e cultivadas, que ocorrem em três níveis distintos de ploidia (diplóides, tetraplóides e hexaplóides). As espécies de maior importância econômica pertencem ao grupo hexaplóide (BROWN; FORSBERG, 1987).

As espécies do grupo diplóide, conhecidas popularmente como aveia-preta, produzem grãos com pouca massa, os quais, conseqüentemente, têm pouca utilização na alimentação humana. No entanto, são largamente empregadas na produção de pastagem no período de maior déficit de forrageiras no Sul do Brasil. A aveia-preta também tem sido empregada no sistema de plantio direto, onde controla a erosão, produz grande quantidade de matéria seca e realiza um expressivo controle de plantas daninhas, em virtude do efeito alelopático determinado pela cobertura morta (CARVALHO, 1998).

O conceito das espécies do gênero *Avena* não é um consenso entre os pesquisadores, existindo sistemas dúbios de espécies morfológicas (baseado em critérios apenas morfológicos) e biológicas (aquelas cujos membros são interférteis, podendo ser compostas por uma ou por mais espécies morfológicas). A Tabela 1 apresenta as espécies biológicas do gênero *Avena* e as espécies morfológicas correspondentes.

Tabela 1. Espécies biológicas do gênero *Avena* e sua equivalência com as espécies taxonômicas.

Espécie biológica	Espécie morfológica equivalente	Nível de ploidia
<i>A. ventricosa</i>	<i>A. ventricosa</i> Bal. & Coss.	diplóide
<i>A. clauda</i>	<i>A. clauda</i> Dur. <i>A. eriantha</i> Dur.	diplóide
<i>A. longiglumis</i>	<i>A. longiglumis</i> Dur.	diplóide
<i>A. prostrata</i>	<i>A. prostrata</i> Ladiz.	diplóide
<i>A. damascena</i>	<i>A. damascena</i> Rajhaty & Baum	diplóide
<i>A. canariensis</i>	<i>A. canariensis</i> Baum, Rajh. & Samp	diplóide
<i>A. strigosa</i>	<i>A. strigosa</i> Scheb. <i>A. nuda</i> L. <i>A. brevis</i> Roth. <i>A. hispanica</i> Ard. <i>A. hirtula</i> Lag. <i>A. lusitanica</i> (Tab. Mor.) Baum <i>A. matritensis</i> Baum <i>A. wiestii</i> Staud <i>A. atlantica</i> Baum et Fedak	diplóide
<i>A. macrostachya</i>	<i>A. macrostachya</i> Bal. ex Coss. et Dur.	tetraplóide
<i>A. barbata</i>	<i>A. barbata</i> Pott. ex Link. <i>A. abyssinica</i> Hochst <i>A. vaviloviana</i> (Malz.) Mord.	tetraplóide
<i>A. agadiriana</i>	<i>A. agadiriana</i> Baum et Fedak	tetraplóide
<i>A. magna</i>	<i>A. magna</i> Murphy et Terr.	tetraplóide
<i>A. murphyi</i>	<i>A. murphyi</i> Ladiz.	tetraplóide
<i>A. insularis</i>	<i>A. insularis</i> Ladiz.	
<i>A. sativa</i>	<i>A. sativa</i> L. <i>A. byzantina</i> C. Koch <i>A. sterilis</i> L. <i>A. ludoviciana</i> (Dur) Gillet et Magne. <i>A. fatua</i> L. <i>A. hybrida</i> Peterm <i>A. athernatha</i> Persl. <i>A occidentalis</i> Dur. <i>A. trichphylla</i> K. Koch	hexaplóide

Fonte: Ladizinsky (1998).

Avena é um gênero de plantas anuais, com autofecundação, em que a antese ocorre antes do florescimento. As espécies poliplóides são alopólíides com herança bissômica e pareamento bivalente na meiose. A exceção é *A. macrostachya*,

uma espécie autotetraplóide perene de fecundação cruzada (LADIZINSKY, 1998).

As espécies diplóides ($2n=2x=14$) têm o genoma A ou o genoma C, as tetraplóides ($2n=4x=28$) têm os genomas AB ou AC, e as hexaplóides ($2n=6x=42$) têm o genoma ACD. A hibridização entre espécies diplóides com genoma A e C raramente resulta em híbridos interespecíficos, indicando uma grande diferenciação genômica entre essas espécies. O genoma A das espécies diplóides consiste de cinco diferentes cariótipos, A_s , A_r , A_d , A_p e A_c relacionados, respectivamente, às seguintes espécies: *Avena strigosa*, *A. longiglumis*, *A. damascena*, *A. prostrata* e *A. canariensis*. O genoma C das espécies diplóides é representado por dois cariótipos, C_v e C_p , de *A.entricosa* e de *A. pilosa* (atualmente denominada de *A. eriantha*), respectivamente (DROSSOU et al., 2004). A aveia hexaplóide cultivada, *A. sativa*, é um alopoliplóide natural que contém os três genomas (A, C e D).

História e domesticação

Há registros arqueológicos de aveia cultivada na Europa durante a Idade do Bronze (período da civilização no qual ocorreu o desenvolvimento do bronze, resultante da mistura de cobre e de estanho, que durou de 3300 a.C. até 1300–700 a.C.). Sua domesticação parece ter ocorrido a partir de plantas invasoras das lavouras de trigo e de cevada (VAUGHAN; GEISLER, 1997). O geneticista russo Nikolai Vavilov identificou, em amostras de trigo obtidas de várias regiões do Oriente Médio, formas intermediárias de aveia que lembravam as formas cultivadas. Concluiu que a migração da aveia para a Europa, a partir de seu centro de origem, no Oriente Médio, foi determinada principalmente pela disseminação da cultura do trigo. No clima mais inóspito do norte da Europa, a invasora suplantou o trigo e se estabeleceu como planta cultivada (THOMAS, 1995).

De acordo com sua proposta de espécies biológicas, Ladizinsky (1998) sustenta que as domesticadas de *Avena*

são suas: a diplóide *A. strigosa* e a hexaplóide *A. sativa*. Apesar de seus genitores silvestres (*A. sterilis* e *A. fatua*) serem plantas nativas do sudoeste da Ásia e ocorrerem naturalmente junto com o trigo e a cevada silvestres, o cultivo de *A. sativa* iniciou no oeste da Europa, cerca de 5 mil anos após o estabelecimento do trigo e da cevada como importantes plantas de lavoura.

No final do primeiro século depois de Cristo, as aveias hexaplóides *A. sativa* e *A. byzantina* (que, conforme Ladizinsky (1998), fazem parte da mesma espécie biológica, *A. sativa*) se estabeleceram na Europa como importantes plantas cultivadas. Formas diplóides e tetraplóides que retêm seus grãos na maturidade também foram cultivadas. As aveias do grupo *strigosa* foram usadas como fonte de grãos e cultivadas nos solos mais pobres do norte e oeste da Europa, no início deste século. A espécie tetraplóide cultivada, *A. abyssinica*, restrita à Etiópia, provavelmente evoluiu da invasora *A. barbata*, introduzida na Etiópia junto com a cevada vinda do Oriente Médio, sendo então colhida e consumida como parte integrante das lavouras de cevada. As hexaplóides *A. sativa* e *A. byzantina* eram intensamente cultivadas na Europa no período da colonização do Novo Mundo, sendo levadas pelos colonizadores para a América do Norte, Argentina e Austrália. As variedades locais (*landraces*) dos séculos 18 e 19 eram misturas heterogêneas de homocigotos, com capacidade para respostas adaptativas às condições de seus novos habitats (THOMAS, 1995). As primeiras variedades de aveia introduzidas na América do Norte eram originárias da Grã-Bretanha, da Rússia, da Polônia, da Suíça, da Finlândia e da França (COFFMAN, 1961). Da mesma forma, a colonização das regiões temperadas do Hemisfério Sul foi acompanhada pela introdução de variedades locais características dos países de origem dos colonizadores (THOMAS, 1995). A variabilidade genética dessas variedades locais foi decisiva no estabelecimento da cultura nas novas terras conquistadas pelos europeus.

No Brasil, até o início da década de 1980, as cultivares de aveia-branca eram provenientes da Argentina e do Uruguai.

No Sul do Brasil, essas cultivares apresentavam problemas de adaptação ao ambiente de cultivo, principalmente em relação ao ciclo tardio e à estatura elevada, o que determinava baixo rendimento de grãos e redução da qualidade do produto. No início da década de 1970, a Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) e a Universidade de Passo Fundo (UPF) iniciaram programas de melhoramento genético, a partir da introdução de linhagens e populações segregantes, provenientes da Universidade de Wisconsin. Na década de 1980, foram lançadas as primeiras cultivares brasileiras de aveia-branca, resultantes desses programas (BARBOSA NETO et al., 2000).

Melhoramento e recursos genéticos

No Brasil, programas de melhoramento genético de aveia são mantidos por instituições públicas e privadas, entre as quais merecem destaque a UFRGS, a UPF, a Universidade Federal de Pelotas (UFPel) e a Embrapa Trigo. O Banco Ativo de Germoplasma do gênero *Avena* é mantido pela Embrapa Trigo, com acessos de espécies cultivadas e silvestres oriundos de diferentes países.

Para atender à demanda, a cada ano são lançadas no mercado novas cultivares de aveia que apresentam um maior potencial de rendimento de grãos em relação às pré-existentes. A obtenção dessas novas cultivares é o resultado de um processo que se inicia na escolha dos genitores para a realização dos cruzamentos, com objetivo de ampliar a variabilidade genética. O conhecimento da distância genética entre os diferentes genótipos é de grande utilidade nesse contexto, uma vez que quanto mais divergentes forem as constituições genéticas dos genitores, maior a variabilidade resultante na população segregante F_2 , e maior a probabilidade de recombinar os genes em novas combinações gênicas favoráveis. Levando em consideração que as espécies domesticadas se originaram a partir de uma porção relativamente pequena da variabilidade genética

de cada espécie, e que, no processo de obtenção de cultivares modernas, o homem vem estreitando ainda mais essa variabilidade, resultando em um efeito evolutivo de gargalo de garrafa, é importante caracterizar a distância genética existente entre as plantas, tanto para maximizar o desenvolvimento de novas variedades, como para conservar *ex situ* uma amostra representativa dessas espécies, a ser usada pelos melhoristas.

No Sul do Brasil, região onde é produzida a maior parte da aveia no País, o clima se caracteriza por apresentar primaveras com pouco frio e com alta precipitação, bastante diferente do ambiente de origem das espécies que compõem o gênero *Avena*, com temperaturas mais baixas e pouca pluviosidade. Essas condições climáticas exigem constituições genéticas a elas adequadas, como plantas com ciclo curto e baixa estatura.

Como o gênero *Avena* contém um grande número de espécies com diferentes níveis de ploidia, números de genomas e variações em caracteres morfológicos e agrônômicos, a hibridização interespecífica controlada dessas espécies poderá ser de grande contribuição no sentido de intensificar e ampliar a variabilidade dos genótipos cultivados (SERENO-TAVARES et al., 1993). O conhecimento dos caracteres morfológicos e moleculares dos recursos genéticos permite que o pré-melhoramento auxilie de forma direta o melhorista, disponibilizando constituições genéticas para a realização da seleção. Dessa forma, a caracterização e a prospecção de genes em aveia asseguram novas estratégias de êxito no melhoramento do gênero *Avena*. Com o crescimento e desenvolvimento evidenciado pelos programas de melhoramento existentes no Sul do Brasil, foram atingidos patamares elevados de produtividade por unidade de área. Entretanto, um novo impulso só poderá ser dado com o uso de conhecimentos mais aprofundados, como a exploração dos recursos genéticos usando técnicas adequadas de caracterização e prospecção de genes.

Referências

BARBOSA NETO, J. F.; MATIELLO, R. R.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, J. M. S.; PEGORARO, D. G.; SCHNEIDER, F.; SORDI, M. E. B.; VACARO, E. Progresso genético no melhoramento de aveia-branca no Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 35, n. 8, p. 1.605-1.612.

BROWN, C. M.; FORSBERG, R. A. Oat. In: FEHR, W. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987. v. 2. p. 295-345.

CARVALHO, F. I. F. Aveia na agricultura moderna. **Seed News**, Pelotas, v. 5, p.16, 1998.

COFFMAN, F. A. **Oats and oat improvement**. Madison: American Society of Agronomy, 1961.

DROSSOU, A.; KATSIOTIS, A.; LEGGETT, J. M.; LOUKAS, M. Genome and species relationships in genus *Avena* based on RAPD and AFLP molecular markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 109, p. 48-54, 2004.

LADIZINSKY, G. **Plant evolution under domestication**. Dordrecht: Kluwer, 1998. 262 p.

SERENO-TAVARES, M. J. C. M.; ZANETTINI, M. H. B.; Carvalho, F. I. F. Origem e evolução do gênero *Avena*: suas implicações no melhoramento genético. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 28, p. 499-507, 1993.

THOMAS, H. Oats. In: SMARTT, J.; SIMMONS, N. W. **Evolution of crop plants**. London: Longman, 1995. p. 132-136.

VAUGHAN, J. G.; GEISLER, C. A. **The new Oxford book of food plants**. New York: Oxford University, 1997. 239 p.



Batata

O pão nosso das Américas

Foto: José Eduardo Figueiredo Dornelles



Batata

Caroline Marques Castro

A batata (*Solanum tuberosum* L.) tem o mérito de ser um dos mais importantes alimentos do mundo, sendo superada em produção apenas pelo trigo, milho e arroz (HAWKES, 1994). É um cultivo que foi domesticado exclusivamente na América do Sul (BROWN, 1999). Até o século 16, esse fantástico tubérculo era desconhecido pelos povos da Europa, Ásia, África e América do Norte. Entretanto, na América do Sul, para as comunidades do alto dos Andes e do Sul do Chile, era a fonte de alimento mais produtiva (HAWKES, 1994). Cristóvão Colombo e seus companheiros nunca souberam que, na “rota das especiarias”, quando buscavam alcançar as Índias por um caminho alternativo, ao chegarem à América, haviam descoberto o verdadeiro “tesouro das Índias”: a batata. Esse precioso tubérculo passou a ser uma das principais bases da alimentação mundial. Em algumas áreas da Europa, onde, em função do clima rigoroso e do frio intenso, cultivos tradicionais como trigo, cevada, centeio ou aveia eram realizados com

dificuldade, produzindo modestas colheitas, o crescimento populacional se deu, em parte, em virtude do cultivo da batata, que levou prosperidade à agricultura em regiões de latitudes extremas (MONTALDO, 1984).

A batata e seus parentes silvestres

A história da batata começa com seus parentes silvestres, com algumas espécies morfológicamente muito semelhantes à batata consumida nos dias de hoje. As batatas silvestres ocorrem exclusivamente nas Américas, com distribuição geográfica do sudoeste dos Estados Unidos até o centro da Argentina e do Chile, entre as latitudes 38°N e 41°S (HIJMANS; SPOONER, 2001). São encontradas desde o nível do mar até 4.500 m de altitude, em uma grande diversidade de habitats, incluindo pradarias de altitude elevada nos Andes, áridas florestas decíduais no México, vegetações costeiras ao longo de praias no Chile e regiões montanhosas frias de florestas pluviais no leste dos Andes (HIJMANS et al., 2002). Em decorrência dessa ampla diversidade de habitats, em que estão distribuídas as espécies silvestres de batata, Hawkes (1994) sugere que esses recursos genéticos sejam fonte de resistência a diferentes estresses bióticos e abióticos, contrariamente às espécies cultivadas de batata que se originaram de poucas espécies silvestres e evoluíram em regiões temperadas frias dos Andes, as quais, com frequência, não são capazes de resistir aos ataques de pragas e doenças que ocorrem na grande amplitude de ambientes em que hoje são cultivadas. As espécies silvestres de batata têm sido utilizadas no melhoramento genético com sucesso. Entretanto, até o momento, apenas uma pequena amostra da biodiversidade disponível tem sido utilizada, não mais do que 10 % das espécies silvestres de batata foram exploradas para uso em programas de melhoramento genético (BUDIN; GAVRILENKO, 1994). No futuro próximo, a tendência é que esse germoplasma seja cada vez mais utilizado, uma vez que

o conhecimento genético vem sendo acumulado com relação a essas espécies, e novas tecnologias moleculares vêm sendo desenvolvidas, o que irá acelerar o uso desses recursos genéticos (BRADSHAW et al., 2006).

Nem todas as espécies silvestres de batata podem cruzar entre si e produzir uma progênie fértil. O nível de infertilidade no cruzamento de duas espécies pode ser predito em função do seu nível de ploidia e do número de endosperma balanceado ou EBN (Endosperm Balanced Number) (HIJMANS et al., 2002). A batata e seus parentes silvestres possuem número básico de cromossomos igual a 12, formando uma série poliplóide, desde diplóides ($2n=2x=24$) até hexaplóides ($2n=6x=72$), na qual quase todas as espécies diplóides são alógamas e auto-incompatíveis, enquanto as tetraplóides e hexaplóides são, na sua maioria, alopoliplóides que apresentam herança dissômica (HAWKES, 1990).

A hipótese do número de endosperma balanceado (EBN) foi inicialmente publicada por Johnston et al. (1980) para explicar o insucesso em cruzamentos inter e intra-específicos, que ocorria em virtude do colapso do endosperma após a fertilização. Os EBNs são fatores genéticos hipotéticos, independentemente do nível de ploidia, e são determinados empiricamente com relação a outros EBNs. O sistema EBN é um forte mecanismo de isolamento reprodutivo (HIJMANS et al., 2002). A ploidia efetiva do endosperma é determinada pelo EBN, que deve estar na proporção de 2:1 (materno:paterno) para assegurar o sucesso de um cruzamento (JOHNSTON et al., 1980).

Embora a maioria das barreiras reprodutivas que ocorrem entre a batata cultivada e seus parentes silvestres sejam em consequência de diferenças de EBN, essas barreiras podem ser facilmente superadas por meio de manipulações no nível de ploidia e do uso de cruzamentos ponte. No grupo batata e seus parentes silvestres, as combinações mais comuns de nível de ploidia e EBN incluem: $6x$ (4 EBN); $4x$ (4 EBN); $4x$ (2 EBN); $2x$ (2 EBN); e $2x$ (1 EBN) (JANSKY, 2006).

Provavelmente nenhuma outra planta cultivada tenha tantos parentes silvestres como a batata (HAWKES, 1994). A taxonomia da batata e seus parentes silvestres é um tópico complexo e controverso. A grande similaridade morfológica entre muitas das várias batatas que compõem esse grupo traz dificuldades em definir claramente as espécies e fazer inferências com relação às suas inter-relações (SPOONER; BERG, 1992). Estudos com o objetivo de aprimorar a taxonomia desse grupo vêm sendo desenvolvidos continuamente.

A batata e seus parentes silvestres pertencem à grande família Solanaceae, que apresenta ampla distribuição geográfica e ocorre em praticamente todo o mundo, sendo composta por cerca de 92 gêneros e 2.300 espécies. As batatas pertencem ao gênero *Solanum*, que possui entre 1.100 e 1.250 espécies, as quais são subdivididas em seções, subseções, superséries e séries (HUNZIKER, 2001 citado por HIJMANS et al., 2002).

Linnaeus, em 1753, descreveu a espécie comum de batata cultivada, *Solanum tuberosum* L., mas não descreveu nenhuma outra espécie silvestre de batata. A primeira descrição válida de espécies silvestres de batata foi de *S. bulbocastanum* e *S. commersonii* por Dunal, em 1814. A partir de então, foram surgindo várias classificações taxonômicas para melhor entender esse grupo de plantas (HIJMANS et al., 2002).

Hawkes (1990) identifica sete espécies cultivadas de batata e 225 espécies silvestres. As 232 espécies de batata reconhecidas pertencem ao gênero *Solanum* e à seção *Petota*. Dentro dessa seção, Hawkes (1990) identifica duas subseções: *Estolonifera*, que indica ausência de estolões ou tubérculo, e é composta por duas séries, *Etuberosa* e *Juglandifolia*; e *Potatoe*, que é composta por espécies que produzem tubérculos, as quais são distribuídas em 19 séries.

Spooner et al. (1993), ao analisar as relações entre batatas, tomates e outros grupos da família Solanaceae, com base

no polimorfismo de sítios de restrição do DNA de cloroplastos (cpDNA), juntamente com dados morfológicos, confirmou a taxonomia proposta por Hawkes (1990), em que todas as espécies que produzem tubérculos foram localizadas na seção *Petota*. Entretanto, os membros das séries *Etuberosa* e *Juglandifolia* não fizeram parte dessa seção e foram mantidos como grupos externos (*outgroups*) à seção *Petota*. Estudos moleculares subseqüentes corroboram com essa relação entre os grupos (OLMSTEAD; PALMER, 1992; BOHS; OLMSTEAD, 1997; PERALTA; SPOONER, 2001) e vêm sustentando que a batata e seus parentes silvestres (*Solanum* sect. *Petota*) são um grupo monofilético, que exclui as séries *Etuberosa* e *Juglandifolia* (SPOONER; HIJMANS, 2001).

Spooner e Hijmans (2001) fizeram uma revisão taxonômica de 206 das 232 espécies propostas por Hawkes (1990) e, após a exclusão das séries *Etuberosa* e *Juglandifolia* da seção *Petota*, da identificação de sinonímias e também de novas espécies, chegaram à identificação de 196 espécies silvestres de batata que, até o momento, é o número de espécies silvestres reconhecidas na seção *Petota*. Esse número ainda deverá ser reduzido no futuro (HIJMANS et al., 2002).

Nas relações entre as espécies dentro da seção *Petota* ainda permanecem algumas controvérsias. A classificação proposta por Hawkes (1990), em que as espécies do gênero *Solanum* que produzem tubérculos são distribuídas em 19 séries, é atualmente a classificação formal mais compreendida e aceita para as espécies silvestres. Ochoa (1989), adicionalmente às 19 séries de Hawkes (1990), descreve uma nova série, *Simplicissima*, para acomodar a espécie *S. simplicissimum*. Posteriormente, ele também incorporou *S. guzmanguense* a essa série (OCHOA, 1999). Essas 20 séries propostas (Tabela 1) são pouco amparadas por estudos moleculares. Estudos filogenéticos desenvolvidos por Spooner e Sytsma (1992) e Spooner e Castillo (1997), com base no polimorfismo de sítios de

restrição do DNA de cloroplastos (cpDNA), sustentam apenas quatro cladogramas na seção *Petota*, e não 20 séries. Esses quatro cladogramas são: a) espécies diplóides dos Estados Unidos, do México e da América Central, excluindo *S. bulbocastanum*, *S. cardiophyllum* e *S. verrucosum*; b) *S. bulbocastanum* e *S. cardiophyllum*; c) todos os membros examinados da série *Piurana* da América do Sul, juntamente com algumas espécies da América do Sul classificadas em outras séries; d) todas as demais espécies da América do Sul e as espécies poliplóides dos Estados Unidos, do México e da América Central e *S. verrucosum*. Esses resultados não são definitivos e precisam de dados adicionais, com base em outros marcadores moleculares, que corroborem com esse estudo. Entretanto, está claro que, no futuro, as séries adotadas atualmente serão modificadas (HIJMANS et al., 2002).

Tabela 1. Nome das séries da seção *Petota*, do gênero *Solanum*, e número de espécies em cada série.

Série	Nº de espécies
<i>Acaulia</i> Juz.	4
<i>Bulbocastana</i> (Rydb.) Hawkes	2
<i>Circaeifolia</i> Hawkes	2
<i>Commersoniana</i> Bukasov	2
<i>Conicibaccata</i> Bitter	38
<i>Cuneolata</i> Hawkes	4
<i>Demissa</i> Bukasov	8
<i>Ingifolia</i> Ochoa	3
<i>Lignicaulia</i> Hawkes	1
<i>Longipedicellata</i> Bukasov	7
<i>Maglia</i> Bitter	1
<i>Megistacroloba</i> Cárdenas e Hawkes	7
<i>Morelliformia</i> Hawkes	1
<i>Olmosiana</i> Ochoa	1
<i>Pinnatisecta</i> (Rydb.) Hawkes	11
<i>Piurana</i> Hawkes	13
<i>Polyadenia</i> Bukasov ex Correl	2
<i>Simplicíssima</i> Ochoa	2
<i>Tuberosa</i> (Rydb.) Hawkes	81
<i>Yungasensa</i> Correl	6

Fonte: Hijmans et al. (2002).

Assim como nas espécies silvestres, há controvérsias quanto à classificação taxonômica das batatas cultivadas. Alguns

taxonomistas classificam as batatas cultivadas como espécies, conforme a sistemática estabelecida por Linnaeus, seguindo o Código Internacional de Nomenclatura Botânica (ICBN). Por sua vez, outros taxonomistas as classificam como grupos, de acordo com os padrões do Código Internacional de Nomenclatura das Plantas Cultivadas (ICNCP). Seguindo o ICBN, os taxonomistas russos Bukasov (1971) e Lechnovich (1971) identificam 21 espécies cultivadas (HUAMÁN; SPOONER, 2002); Hawkes (1990), como citado anteriormente, distingue sete espécies cultivadas com oito subespécies e Ochoa (1990) descreve nove espécies, 141 subespécies, variedades e formas apenas para as espécies cultivadas da Bolívia. Em contraste, com base nos padrões do ICNCP, Dodds (1962) estabelece apenas três espécies cultivadas. Para uma dessas espécies, são identificados cinco grupos (Tabela 2). Huamán e Spooner (2002) reclassificam as variedades locais (*landraces*) andinas e chilenas, seguindo os padrões do ICNCP, e identificam uma única espécie cultivada na seção *Petota*, *S. tuberosum*, com oito grupos: a) grupo Ajanhuiri; b) grupo Andigenum; c) grupo Chaucha; d) grupo Chilotanum; e) grupo Curtilobum; f) grupo Juzepczukii; g) grupo Phureja; h) grupo Stenotomum. As cultivares modernas, ou seja, aquelas desenvolvidas após a introdução da batata na Europa, que são tradicionalmente classificadas no grupo *Tuberosum* (DODDS, 1962), não fizeram parte do estudo de Huamán e Spooner (2002).

Spooner e Hettterscheid (2005) propõem a primeira classificação para as cultivares modernas de batata. Segundo esses autores, as cultivares modernas devem ser classificadas em grupos que mostrem o seu uso por melhoristas, por produtores ou pela indústria, colocando todas essas cultivares sob um único nome, de *S. tuberosum*, com vários grupos.

Tabela 2. Sumário das várias classificações propostas por diferentes taxonomistas para as espécies cultivadas de batata e o respectivo nível de ploidia.

Ploidia	Bukasov (1971); Lechnovich (1971)	Dodds (1962)	Hawkes (1990)	Ochoa (1990; 1999)
2x	<i>S. ajanhuiri</i> Juz. e Bukasov	<i>S. tuberosum</i>		
	<i>S. canarense</i> Juz. e Bukasov	Grupo Stenotomum		
	<i>S. erlansonii</i> Bukasov	Subgrupo Goniocalyx		
	<i>S. goniocalyx</i> Juz. e Bukasov	Subgrupo Stenotomum		
	<i>S. macmillanii</i> Bukasov	Grupo Phureja		
	<i>S. phureja</i> Juz. e Bukasov	Subgrupo Amarilla		
	<i>S. rybinii</i> Juz. e Bukasov	Subgrupo Phureja		
	<i>S. stenotomum</i> Juz. e Bukasov			
3x	<i>S. boyacense</i> Juz. e Bukasov	<i>S. tuberosum</i>	<i>S. chaucha</i>	<i>S. x chaucha</i>
	<i>S. chaucha</i> Juz. e Bukasov	Grupo Chaucha	<i>S. juzepczukii</i>	<i>S. x juzepczukii</i>
	<i>S. chocclo</i> Bukasov	<i>S. x juzepczukii</i>		
	<i>S. ciezae</i> Bukasov e Lechn.			
	<i>S. cuencanum</i> Juz. e Bukasov			
	<i>S. juzepczukii</i> Bukasov			
	<i>S. mamilliferum</i> Juz. e Bukasov			
4x	<i>S. andigenum</i> Juz. e Bukasov	<i>S. tuberosum</i>	<i>S. tuberosum</i>	<i>S. tuberosum</i>
	<i>S. molinae</i> Juz.	Grupo Andigena	subsp. <i>andigenum</i> Hawkes	subsp. <i>andigenum</i>
	<i>S. leptostigma</i> Juz. <i>S. tuberosum</i> L.	Grupo Tuberosum	subsp. <i>tuberosum</i>	subsp. <i>tuberosum</i> <i>S. hygrothermicum</i>
	<i>S. curtilobum</i> Juz. e Bukasov	<i>S. x curtilobum</i>	<i>S. curtilobum</i>	<i>S. x curtilobum</i>

Fonte: Adaptado de Huamán e Spooner (2002).

Origem, evolução e domesticação da batata

Os tubérculos das batatas silvestres apresentam sabor amargo e contêm vários alcalóides esteroidais que, em determinadas concentrações, são tóxicos. O primeiro passo na evolução da batata deve ter sido o reconhecimento e a

seleção de tubérculos que fossem menos amargos e, conseqüentemente, menos tóxicos (SIMMONDS, 1995). No processo de domesticação da batata, além da redução da concentração de glicoalcalóides nos tubérculos, foram selecionadas plantas com estolões mais curtos, tubérculos maiores, freqüentemente coloridos e com várias formas. Com relação à parte aérea das plantas, as espécies cultivadas e silvestres são bastante semelhantes, entretanto, os tipos cultivados exibem maior vigor e uma grande segregação nos caracteres de flor e folhagem (SPOONER et al., 2005).

Não é conhecido o momento exato em que ocorreu a domesticação da batata, mas, com base em dados arqueológicos, provavelmente tenha sido no período de 5000 a 2000 a.C., simultaneamente com a domesticação da lhama (SIMMONDS, 1995). De acordo com Spooner e Hetterscheid (2005), as primeiras batatas cultivadas provavelmente foram selecionadas de populações silvestres na região central dos Andes, no sul do Peru e norte da Bolívia, de 6 mil a 10 mil anos atrás.

As espécies silvestres relacionadas ao processo de domesticação da batata ainda não são conhecidas com certeza. Várias espécies da série *Tuberosa* vêm sendo indicadas como possíveis candidatas. Entre essas espécies, *S. brevicaule*, *S. leptophyes*, *S. canasense*, *S. soukupii* e *S. sparsipilum* são as citadas com maior freqüência (SIMMONDS, 1995).

Recentemente, Spooner et al. (2005) forneceram evidências, com base em análises filogenéticas, de uma única domesticação da batata que ocorreu no Peru, a partir do componente norte de membros do complexo de espécies *S. brevicaule*. O complexo *S. brevicaule* é formado por várias espécies silvestres de batata, morfologicamente semelhantes, e com distribuição geográfica desde a região central do Peru até o norte da Argentina. Os membros do complexo *S. brevicaule*, com base na análise cladística, são divididos em dois componentes: a) norte, formado por

membros do Peru; b) sul, composto por membros da Bolívia e da Argentina.

As espécies que compõem o complexo *S. brevicaule* não são claramente distinguíveis, havendo a necessidade de uma considerável redução no número de espécies nesse complexo (SPOONER; HETTERSCHIED, 2005). Há a possibilidade de os membros do complexo *S. brevicaule* serem reduzidos a uma única espécie, nesse caso, *S. bukasovii* seria o primeiro nome válido. Como resultado da domesticação dessa suposta espécie silvestre, deu-se a origem da espécie diplóide cultivada *S. stenotomum*, também denominada *S. tuberosum*, grupo Stenotomum, da qual outras espécies cultivadas foram derivadas, incluindo a diplóide *S. phureja*, ou grupo Phureja; a tetraplóide *S. tuberosum* subsp. *andigena*, ou grupo Andigena; e a tetraplóide *S. tuberosum* subsp. *tuberosum*, ou grupo Tuberosum. As batatas do grupo Phureja foram selecionadas do grupo Stenotomum, visando diminuir a dormência nos tubérculos e acelerar o seu desenvolvimento. Assim, até três cultivos por ano poderiam ser realizados nos vales mais baixos e quentes dos Andes. As batatas do grupo Andigena se tornaram a forma mais cultivada na América do Sul, principalmente porque os agricultores andinos identificaram as batatas Andigenas como superiores em rendimento quando comparadas com as espécies diplóides cultivadas. As batatas do grupo Tuberosum foram selecionadas do grupo Andigena, na costa do Chile, visando à produção de tubérculos em condições de dias longos (BRADSHAW et al., 2006). O envolvimento de espécies silvestres na origem e na seleção dos grupos Andigena e Tuberosum ainda é um ponto que está sendo discutido. Entretanto, esses dois grupos são geneticamente distintos, apresentando citoplasmas diferentes (RAKER; SPOONER, 2002).

Milhares de variedades locais (*landraces*) de batata ainda são cultivadas ao longo dos Andes, com um segundo grupo de variedades locais sendo cultivadas na ilha de Chiloé,

nas ilhas do arquipélago de Chonos e em planícies no sul do continente chileno (SPOONER; HETTERSCHEID, 2005).

Dispersão: o caminho da batata dos Andes para o mundo

Até o século 16, a batata era conhecida unicamente na América do Sul. Acredita-se que o conquistador do Peru, Francisco Pizarro, tenha sido o primeiro europeu a conhecer a batata, em 1533, porém, não há dados que confirmem esse evento. O primeiro registro histórico é da data de 1537, quando um grupo de espanhóis, liderado por Jiménez de Quesada, fez uma expedição em uma região montanhosa onde hoje é a Colômbia (HAWKES, 1994).

O primeiro registro de batata fora da América do Sul ocorreu nas Ilhas Canárias, arquipélago espanhol, em 1567 (RÍOS et al., 2007). Da Espanha, a batata foi amplamente disseminada pelo continente europeu no fim do século 16. A primeira introdução de batata na Inglaterra ocorreu provavelmente por volta de 1590 e há indícios de que essa introdução foi independente da primeira introdução espanhola (HAWKES, 1994; SIMMONDS, 1995).

Em 1691, as colônias da América do Norte receberam a batata das Ilhas Bermudas, colônia britânica onde foi introduzida a batata da Inglaterra, em 1613. No século 17, missionários ingleses também levaram a batata para a Índia e a China e, no mesmo período, ocorreu a sua introdução no Japão e em partes da África. Na Nova Zelândia, a batata surgiu em 1769 e foi cultivada pelos Maoris, povo indígena local, por volta de 1840 (HAWKES, 1990).

A batata chegou à Europa como um imigrante desconhecido. Permaneceu assim por pelo menos um século, período em que foi pouco estudada e pouco compreendida, ainda que houvesse relatos dos conquistadores espanhóis sobre a sua

grande importância para a subsistência das civilizações andinas. Uma das possíveis explicações para esse lento processo, desde a sua introdução até o seu reconhecimento no continente europeu, pode ser explicado pelo fato de que as primeiras introduções de batata eram adaptadas a condições de dias curtos e, uma vez cultivadas em latitudes mais elevadas, como no caso da Europa, produziam poucos tubérculos ou, em alguns casos, nem chegavam a tuberizar, sendo necessários vários anos de seleção inconsciente para que fosse adquirida adaptação a dias longos (HAWKES, 1994; SIMMONDS, 1995; BROWN, 1999).

Há várias discussões sobre a origem das primeiras introduções de batata na Europa. Podem ter sido originadas de variedades locais do grupo Andigena, provenientes dos Andes, de algum ponto entre a Venezuela e o norte da Argentina, ou de variedades locais do grupo Tuberosum, com origem nas planícies da região centro-sul do Chile (SPOONER; HETTERSCHEID, 2005).

A hipótese freqüentemente aceita é a de que as primeiras introduções de batata na Europa foram do grupo Andigena. A introdução de germoplasma do grupo Tuberosum ocorreu no continente europeu somente após 1840, quando os campos de batata na Irlanda foram devastados pela doença chamada de requeima, causada pelo fungo *Phytophthora infestans*. A destruição das lavouras levou à morte por inanição cerca de um milhão de pessoas e provocou a migração de, aproximadamente, 2 milhões de irlandeses para outros países, principalmente para os Estados Unidos (HOSAKA; HANNEMAN, 1988; HAWKES, 1990). Entretanto, estudos recentes, utilizando técnicas moleculares, vêm fornecendo fortes subsídios de que houve múltiplas introduções de ambos os grupos, Andigena e Tuberosum, nas Ilhas Canárias, e, dessa forma, as primeiras seleções de batata do grupo Tuberosum ocorreram no continente europeu muito antes de 1840 (RÍOS et al., 2007).

Indiscutivelmente, seja qual for a origem da batata que chegou ao Velho Mundo, essa planta adquiriu adaptação

ao seu novo ambiente e passou a produzir respeitáveis quantidades de tubérculos, fazendo com sua adoção como “segundo pão” ocorresse diretamente, passando a ser uma das principais bases da dieta mundial (BROWN, 1999).

Referências

- ACOSTA, J. **Historia natural y moral de las Indias**. México: Fondo de Cultura Económica, 1940. 638 p.
- BOHS, L.; OLMSTEAD, R. G. Phylogenetic relationships in *Solanum* (Solanaceae) based on ndhF sequences. **Systematic Botany**, Tallahassee, v. 22, n. 1, p. 5-17, 1997.
- BRADSHAW, J. E.; BRYAN, G. J. RAMSAY, G. Genetic resources (including wild and cultivated *Solanum* species) and progress in their utilization in potato breeding. **Potato Research**, Wageningen, v. 49, n. 1, p. 46-65, 2006.
- BROWN, C. R. A native American technology transfer: the diffusion of potato. **HortScience**, Alexandria, v. 3, n. 5, p. 817- 821, 1999.
- BUDIN, K. Z.; GAVRILENKO, T. A. Genetic bases of remote hybridization in potato. **Russian Journal of Genetics**, Moscow, v. 30, p. 1.188-1.196, 1994.
- DODDS, K. S. Classification of cultivated potatoes. In: CORREL, D. S. (Ed.). **The potato and its wild relatives**. Renner: Texas Research Foundation, 1962. p. 517- 539.
- HAWKES, J. G. Origins of cultivated potatoes and species relationships. In : BRADSHAW, J. E.; MACKAY, G. R. (Ed.). **Potato genetics**. Cambridge: CAB International, 1994. p. 3-42.
- HAWKES, J. G. **The potato: evolution, biodiversity and genetic resources**. London: Belhaven, 1990. 259 p.
- HAWKES, J. G.; FRANCISCO-ORTEGA, J. The potato in Spain during the late 16th century. **Economic Botany**, New York, v. 86, p. 89- 97, jan./mar. 1992.
- HIJMANS, R. J.; SPOONER, D. M. Geographic distribution of wild potato species. **American Journal of Botany**, Lawrence, v. 88, n. 11, p. 2.101- 2.112, 2001.
- HIJMANS, R. J.; SPOONER, D. M.; SALAS, A. R.; GUARINO, L.; CRUZ, J. **Atlas of wild potatoes**. Roma: International Plant Genetic Resources Institute, 2002. 130 p.
- HOSAKA, K.; HANNEMAN, R. E. The origin of the cultivated tetraploid potato based on chloroplast DNA. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 76, n. 2, p. 172-176, 1988.
- HUAMÁN, Z.; SPOONER, D. M. Reclassification of landrace populations of cultivated potatoes (*Solanum* sect. *Petota*). **American Journal of Botany**, Lawrence, v. 89, n. 6, p. 947-965, 2002.
- JANSKY, S. Overcoming hybridization barriers in potato. **Plant Breeding**, Berlin, v. 125, n. 1, p. 1-12, 2006.
- JOHNSTON, S. A.; DEN NIJS, T. P. M.; PELOQUIN, S. J.; HANNEMAN, R. E. The significance of genic balance to endosperm development in interspecific crosses. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 57, n. 1, p. 5-9, 1980.

- MONTALDO, A. Historia y origen. In: MONTALDO, A. (Ed.). **Cultivo y mejoramiento de la papa**. Costa Rica: IICA, 1984. p. 7-31.
- OCHOA, C. M. **Las papas de sudamerica**: Peru (Parte I). Lawrence: Allen, 1999. 1.036 p.
- OCHOA, C. M. *Solanum* series *Simplicissima*, nueva serie tuberifera de la sect. *Petota* (Solanaceae). **Revista de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales**, Bogotá, v. 17, p. 166-168, 1989.
- OCHOA, C. M. **The potatoes of South America**: Bolivia. Cambridge: Cambridge University Press, 1990.
- OLMSTEAD, R. G.; PALMER, J. D. A chloroplast DNA phylogeny of the Solanaceae: subfamilial relationships and character evolution. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, St. Louis, v. 79, p. 346-360, 1992.
- PERALTA, I. E.; SPOONER, D. M. Granule-bound starch synthase (GBSSI) gene phylogeny of wild tomatoes (*Solanum* L. *Lycopersicon* [Mill.] Wettst. subsection *Lycopersicon*). **American Journal of Botany**, Lawrence, v. 88, n. 10, p. 1.888-1.902, 2001.
- RAKER, C. M.; SPOONER, D. M. Chilean tetraploid cultivated potato, *Solanum tuberosum*, is distinct from the Andean populations: microsatellite data. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 5, p. 1.451-1.458, 2002.
- RÍOS, D.; GHISLAIN, M.; RODRÍGUEZ, F.; SPOONER, D. M. What is the origin of the European potato? Evidence from Canary Island landraces. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 3, p. 1.271-1.280, 2007.
- SIMMONDS, N. W. Potatoes. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. (Ed.). **Evolution of crop plants**. Essex: Longman, 1995. p. 466-471.
- SPOONER D. M.; BERG, R. G. van den. An analysis of recent taxonomic concepts in wild potatoes (*Solanum* sect. *Petota*). **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 39, n. 1, p. 23-37, 1992.
- SPOONER, D. M.; ANDERSON, G. J.; JANSEN, R. K. Chloroplast DNA evidence for the inter-relationships of tomatoes, potatoes, and pepinos (Solanaceae). **American Journal of Botany**, Lawrence, v. 80, p. 676-688, junho 1993.
- SPOONER, D. M.; CASTILLO, R. Reexamination of series relationships of South American wild potatoes (Solanaceae: *Solanum* sect. *Petota*): evidence from chloroplast DNA restriction site variation. **American Journal of Botany**, Lawrence, v. 84, p. 671-685, maio 1997.
- SPOONER, D. M.; HETTERSCHIED, W. L. A. Origins, evolution, and group classification of cultivated potatoes. In: MOTLEY, T. J.; ZEREGA, N.; CROSS, H. (Ed.). **Darwin's harvest: new approaches to the origins, evolution, and conservation of crops**. New York: Columbia University Press, 2005. p. 285-307.
- SPOONER, D. M.; HIJMANS, R. J. Potato systematics and germplasm collecting, 1989-2000. **American Journal of Potato Research**, Orono, v. 78, p. 237-268, 2001.
- SPOONER, D. M.; McLEAN, K.; RAMSAY, G.; WAUGH, R.; BRYAN, G. J. A single domestication for potato based on multilocus amplified fragment length polymorphism genotyping. **Proceedings of the National Academic of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 102, p. 14.694-14.699, 2005.
- SPOONER, D. M.; SYTSMA, K. J. Reexamination of series relationships of Mexican and Central wild potatoes (*Solanum* sect. *Petota*): evidence from chloroplast DNA restriction site variation. **Systematic Botany**, Tallahassee, v. 17, n. 3, p. 432-448, 1992.



Bromélias

A beleza exótica do Novo Mundo

Foto: José Eduardo Figueiredo Dornelles



Bromélias

Fernanda Bered
Eliane Kaltchuk dos Santos
Clarisse Palma da Silva
Gecele Matos Paggi

Há muito tempo, as bromélias vêm sendo utilizadas pelos povos nativos das Américas, estando fortemente presente em suas culturas. Atualmente, mais de 90 espécies são utilizadas no mundo todo para diversos fins, tais como: para produção de fibras, forragem, na alimentação humana, em rituais místicos, para a produção de combustíveis, na ornamentação, entre outros (BENNET et al., 2002). Entre essas categorias de usos, podemos destacar a importância das bromélias como plantas ornamentais de grande valor comercial, como fonte de alimento para o homem e pelas suas propriedades medicinais. Nessas categorias, os gêneros mais utilizados são: *Aechmea*, *Alcantharea*, *Ananas*, *Bromelia*, *Billbergia*, *Catopsis*, *Guzmania*, *Neoregelia*, *Nidularium*, *Pitcairnia*, *Pseudoananas*, *Puya*, *Tillandsia* e *Vriesea*.

O abacaxi, *Ananas comosus* (L.) Merr., é uma das frutas tropicais mais amplamente cultivadas no mundo. Além de ser muito apreciado pelo seu sabor, o abacaxi possui propriedades medicinais em virtude da presença da

bromelina, uma enzima com propriedades proteolíticas semelhantes à papaína. Atualmente, a bromelina é utilizada em medicamentos com ação antiinflamatória e analgésica (BENNETT, 2000).

Bromeliaceae é a maior família de plantas típicas do Novo Mundo. A distribuição geográfica apresenta como limite norte de ocorrência os estados da Virgínia, Texas e Califórnia, nos Estados Unidos (latitude 37°N), e como limite sul, o norte da Patagônia, na Argentina (latitude 44°S). A única exceção é *Pitcairnia feliciana* (A. Chev.) Harms e Mildbr., que está localizada no oeste da África, na região da Guiné (POREMBSKY; BARTHLOTT, 1999). Possivelmente, a origem e a dispersão das primeiras espécies tenham ocorrido em época próxima à separação do supercontinente Gondwana, o que explicaria a presença de uma espécie primitiva remanescente na África. Ainda que evidências, como características do pólen e macrofósseis, indiquem que Liliopsida (classe na qual as bromélias estão inseridas) tenha evoluído no meio do Cretáceo, presume-se que as bromélias tenham surgido a partir da metade do Terciário – entre 40 e 65 milhões de anos atrás (BENZING, 2000). Provavelmente o surgimento da família é fenômeno relativamente recente, que deve ter ocorrido no próprio Novo Mundo, como sugere sua distribuição continental restrita (SMITH, 1934).

A família Bromeliaceae é composta por espécies neotropicais, que sofreram uma extensa radiação adaptativa, ocupando ambientes extremos e com hábitos que variam de terrestres a epífitos. Essas plantas podem ser encontradas desde o nível do mar até altitudes superiores a 4 mil metros, em regiões desérticas, úmidas e também em solos sujeitos a inundações periódicas, em locais com muito ou pouca luminosidade. Vivem muito bem sobre areias e rochas escaldantes e resistem a temperaturas próximas a 0 °C (BENZING, 2000).

As bromélias são plantas perenes, herbáceas, com rosetas foliares basais, raramente arbustivas ou arborescentes. Os caules são rizomas, prostrados ou estolões curtos ou

longos, dos quais se elevam as rosetas. As margens das folhas podem ser lisas ou portar espinhos. As folhas lanceoladas inserem-se em espiral no caule formando uma roseta basal (cisterna). Quanto mais alargada a bainha foliar que forma a cisterna, mais a planta se torna capacitada a acumular água (JUDD et al., 1999; LEME, 1984). Na cisterna, conhecida como tanque, cuja capacidade às vezes ultrapassa 1 L, também são acumulados restos orgânicos de animais e vegetais, assim como uma série de microrganismos que auxiliam na decomposição da matéria orgânica. As cisternas também são utilizadas como fonte de recurso (abrigo, alimento, sítios reprodutivos, etc.) para muitas populações naturais de espécies associadas, grupo conhecido como fitotelmata (ex.: anfíbios, aranhas, insetos, crustáceos, etc.), entretanto as mesmas não estão presentes em todas as bromélias.

Taxonomia e evolução

Atualmente, são conhecidas cerca de 2.750 espécies (BENZING, 2000), distribuídas em aproximadamente 60 gêneros, dos quais quase 50 % são encontrados no Brasil. Tradicionalmente, a família Bromeliaceae, está dividida em três subfamílias: Bromelioideae (~650 spp.), Pitcairnioideae (~890 spp.) e Tillandsioideae (~1000 spp.). Essa divisão baseia-se na análise dos seguintes caracteres morfológicos: flores, frutos, sementes e posição do ovário em relação ao perianto (SMITH; DOWNS, 1974; SMITH; DOWNS, 1977; SMITH; DOWNS, 1979).

Segundo Smith (1934), as bromélias teriam se originado na América do Sul, no Planalto das Guianas. As subfamílias Pitcairnioideae e Tillandsioideae, que possuem grande número de gêneros e espécies, teriam como centro de diversidade a região dos Andes, enquanto Bromelioideae tem seu centro de diversidade no leste do Brasil.

A falta de evidências fósseis é um dos principais pontos que torna difícil a reconstituição da filogenia da família

Bromeliaceae. No entanto, não existem muitas dúvidas em relação à sua monofilia (GILMARTIN; BROWN, 1987; TERRY et al., 1997a, 1997b; CRAYN, 2004). Ademais, muitas são as especulações quanto à relação de Bromeliaceae com outras famílias. Da mesma forma, as relações entre as subfamílias e entre os gêneros têm sido temas muito polêmicos (SMITH, 1934; BROWN, 2000).

Gilmartin e Brown (1987) foram os primeiros a estudar as relações filogenéticas entre as três subfamílias de Bromeliaceae, por meio de características morfológicas. Esses autores concluíram que Bromelioideae e Tillandsioideae são táxons irmãos e que a subfamília Pitcairnioideae possui a posição mais ancestral na família.

A partir da década de 1990, as relações evolutivas em Bromeliaceae começaram a ser traçadas com base em dados de seqüências de DNA. No entanto, os estudos de sistemática molecular em Bromeliaceae (RANKER et al., 1990; CLARK; CLEGG, 1990; GIVNISH et al., 1990a; 1990b) não se adequaram à filogenia sugerida pelos dados morfológicos de Gilmartin e Brown (1987) e as relações entre as subfamílias não encontraram um consenso (BROWN, 2000). A discrepância entre o grau de divergência molecular e morfológica nas bromélias é bem ilustrada pela subfamília Tillandsioideae, que, geneticamente, mostrou ser altamente similar (<1,8 % de divergência genética), mas, morfológica e ecologicamente, é muito diversa (HORRES et al., 2000). Trabalhos mais recentes ainda discutem as relações e a monofilia das subfamílias e de seus gêneros (TERRY et al., 1997a; 1997b; HORRES et al., 2000; FARIA et al., 2004; BARFUSS et al., 2005).

Sistema de cruzamento

Apesar de ser uma família de grande valor econômico, em Bromeliaceae, poucos estudos sobre o sistema de cruzamento têm sido publicados. A fecundação cruzada é o

sistema de cruzamento mais comumente encontrado entre as espécies de bromélias. No entanto, estudos da morfologia floral e experimentos de polinização confirmaram a existência de diversos sistemas de cruzamento. Tais estudos também demonstraram que aspectos da ecologia e da história natural estão relacionados ao tipo de sistema de cruzamento predominante nas espécies (MARTINELLI, 1994; BENZING, 2000).

Algumas características adicionais, que influenciam as proporções da progênie que são de autofecundação ou de fecundação cruzada, podem ser encontradas em muitas espécies. Dicogamia (maturação assíncronica dos órgãos sexuais) e heterostilia (diferença espacial entre os órgãos sexuais, que limita a autopolinização) promovem a alogamia em muitas espécies autocompatíveis e diminuem a obstrução do estigma em espécies auto-incompatíveis (BENZING, 2000). Protoginia (amadurecimento do gineceu primeiramente) ocorre em quase 150 espécies do gênero *Tillandsia*, subgênero *Tillandsia* (GARDNER, 1982). Protandria (amadurecimento do androceu primeiramente) foi observado em 17 espécies de *Vriesea* polinizadas por pássaros e morcegos (MARTINELLI, 1994).

A cleistogamia foi relatada principalmente para espécies de *Tillandsia* (GARDNER, 1982, 1986; GILMARTIN; BROWN, 1985) e para *Aechmea bracteata* (Sw.) Griseb. (BENZING, 1980), tendo sido considerada um sistema derivado em Bromeliaceae por Brown e Gilmartin (1989).

Qualquer que seja a condição fundamental para a família, a fecundação cruzada é reforçada pela auto-incompatibilidade amplamente encontrada nas subfamílias Bromelioideae e Tillandsioideae e, embora não confirmado, provavelmente em Pitcairnioideae também (BENZING, 2000). A auto-incompatibilidade em Bromeliaceae foi geneticamente confirmada para *Ananas comosus*, *A. ananassoides* (Baker) L.B. Smith e *A. bracteatus* Lindl. Schult. e Schult.f. (BREWBACKER; GORREZ, 1987). Além

disso, Paggi et al. (2007) relataram a ocorrência de autocompatibilidade e de sistema misto de cruzamento, com elevada taxa de autofecundação em *Vriesea gigantea* Gaud. A dioícia ocorre em todas as subfamílias, mas em poucas espécies. (BENZING, 2000). A grande maioria dos gêneros exibe hermafroditismo e alguns, como o gênero *Catopsis*, exibem espécies dióicas e hermafroditas.

Citogenética e citotaxonomia da família Bromeliaceae

A família Bromeliaceae é citogeneticamente muito homogênea, com pequena variação no número básico e no nível de ploidia. Apesar de essa família apresentar marcante diversidade morfológica e adaptação aos mais diversos ecossistemas, há uma relativa conservação quanto ao número cromossômico, com prevalência de $2n=50$ cromossomos, sendo $x=25$ o número básico, com exceção de *Cryptanthus* $x=17$ (MARCHANT, 1967; BROWN et al., 1997; COTIAS-DE-OLIVEIRA et al., 2000; CEITA, 2002; PALMA-SILVA et al., 2004; GITAÍ et al., 2005).

A evolução cariotípica da família ainda não se encontra totalmente esclarecida. O pequeno tamanho dos cromossomos, as aneuploidias e as raças poliplóides fenotipicamente indiferenciadas dificultam a tentativa de reconstruir o cariótipo original da família e de identificar a possível incidência de evolução reticulada (BENZING et al., 2000).

Os primeiros trabalhos propuseram $x=8$ como número básico para a família, inspirado nas primeiras contagens cromossômicas para Bromeliaceae (BILLINGS, 1904 citado por WEISS, 1965; LINDSCHAU, 1933 citado por WEISS, 1965; GAUTHÉ, 1965; WEISS, 1965; SHARMA; GHOSH, 1971; MCWILLAMS, 1974).

Brown e Gilmartin (1989), usando evidências filogenéticas obtidas a partir de dados morfológicos (GILMARTIN;

BROWN, 1987), propuseram um modelo de evolução cariotípica, no qual Bromeliaceae e Velloziaceae ($x=8$) seriam táxons irmãos. Esses autores analisaram mais de 80 espécies pertencentes as três subfamílias. Segundo eles, o número básico $x=25$ teria se originado da hibridação entre paleodiplóides, com números básicos $x=8$ e $x=9$, produzindo um paleotetraplóide ($n=17$). Uma nova hibridação entre o paleodiplóide ($x=8$) e a linhagem paleotetraplóide ($x=17$) teria produzido o hexaplóide ($n=25$). Essa teoria foi corroborada por Gitaí et al. (2005), que observaram a ocorrência de dois pares de cromossomos com satélites em espécies diplóides, por meio da coloração com nitrato de prata.

A poliploidia do número básico $x=25$ tem sido raramente encontrada na família Bromeliaceae, ocorrendo na maior parte das vezes na subfamília Bromelioideae: *Bromelia* (duas espécies), *Nidularium* (uma sp.), *Pseudananas* (uma sp.), *Orthophytum* (três sp.), *Deinacanthon* (uma sp.) e *Ananas* (uma sp.). Em Pitcairnioideae, são relatados poliplóides nos gêneros *Dyckia* (três sp.), *Deuterocohnia* (uma sp.), *Pitcairnia* (uma sp.) e *Fosterella* (uma sp.) (BROWN; GILMARTIN, 1986; COTIAS-DE-OLIVEIRA et al., 2000; GITAÍ et al., 2005). Em Tillandsioideae, poliplóides são relatados para o gênero *Guzmania* (uma sp.) e para várias espécies do gênero *Tillandsia* pertencentes ao subgênero *Diaphoranthema* (BROWN; GILMARTIN, 1986).

A bimodalidade cariotípica em Bromeliaceae foi observada inicialmente por Marchant (1967). Certas espécies apresentaram variabilidade quanto ao tamanho dos cromossomos em um mesmo cariótipo, havendo em algumas delas uma clara bimodalidade. Cotias-de-Oliveira et al. (2000) estudaram espécies da subfamília Bromelioideae e Pitcairnioideae. Em algumas dessas espécies, foram observados cromossomos com tamanhos diferentes, mas não foi observada uma clara expressão de bimodalidade. Ceita (2002), por sua vez, não encontrou bimodalidade cariotípica em nenhum dos seis gêneros da

subfamília Bromelioideae analisados. Palma-Silva (2003), ao estudar espécies de Tillandsioideae, observou uma nítida assimetria no tamanho dos cromossomos.

Gitaí et al. (2005) verificaram que indivíduos morfológicamente indistinguíveis de *Deuterocohnia lorentziana* (Mez) M.A. Spencer e L.B. Sm (Pitcairnioideae) apresentaram diferentes níveis de ploidia ($2n=50$ e $2n=150$) e cromossomos com diferenças de tamanho e de morfologia. Indivíduos diplóides apresentaram cromossomos maiores (de 1,14 μm a 2,29 μm) com tendência à bimodalidade (19 pares grandes e 6 pares pequenos), enquanto os tetraplóides apresentavam cromossomos de menor tamanho (de 0,5 μm a 1,94 μm) com somente dois dos pares maiores.

Tais resultados sugerem a eliminação de seqüências do genoma durante o processo de poliploidização ao longo da evolução da família Bromeliaceae. Assim, em Bromeliaceae, a fonte de variabilidade cromossômica seria dada pelo desenvolvimento de conjuntos bimodais e pela reorganização do padrão cariotípico. A evolução cromossômica freqüentemente se processa a partir de conjuntos relativamente uniformes, todos com cromossomos metacêntricos e de tamanhos iguais, para conjuntos não uniformes (bimodais), que contêm cromossomos de tamanhos desiguais (MARCHANT, 1967; MCWILLIAMS, 1974).

Análises meióticas são raras em Bromeliaceae. Palma-Silva et al. (2004) realizaram o primeiro estudo do comportamento meiótico em indivíduos silvestres de bromélias, tendo observado alta regularidade meiótica em nove espécies do gênero *Vriesea* e duas do gênero *Aechmea*.

História antiga

Antes de Colombo fazer sua segunda viagem para as Américas, as bromélias eram desconhecidas pelos europeus. A maioria dos exploradores daquela época estava

mais interessada em descobrir novas rotas comerciais e adquirir objetos de valor do que na descoberta de novas espécies. Embora muitas vezes a exploração portuguesa e espanhola seja associada com a idéia de subjugação religiosa dos nativos e um implacável interesse por metais e gemas preciosas, novas plantas comestíveis também foram itens importantes para favorecer ou recompensar a volta para casa (BENZING, 1980).

Não surpreende o fato de que, entre todas as bromélias que Colombo e sua tripulação provavelmente encontraram nas Índias Ocidentais, o abacaxi foi a única que realmente lhes chamou a atenção. Eles descreveram o fruto como “maior que um melão, cheiroso e de sabor muito adocicado” (BENZING, 1980).

As espécies de bromélias ornamentais permaneceram desconhecidas na Europa até que, em 1776, *Guzmania ligulata* (L.) Mez foi introduzida nesse continente. Depois disso, no século 19, outras espécies vistosas, como *Billbergia pyramidalis* Lindl., *Billbergia amoena* LOOD. LOND. e *Aechmea fasciata* Baker, começaram a chegar, em número sempre crescente, na Inglaterra, França, Alemanha e em outros países do oeste da Europa. O cultivo de *Bromelia antiacantha* Bertol. foi iniciado por Bertolini na Itália, em 1824. Por volta de 1857, muitas espécies começaram a ser cultivadas em Berlim, o que foi evidenciado pelas numerosas citações de Beer “Die Familie der Bromeliaceen”, o primeiro estudo compreendendo todo o grupo. Entre 1865 e 1885 houve um grande interesse na família Bromeliaceae na região da Bélgica central, próximo a Liege, onde Edouard Morren publicou a descrição de várias espécies com elaboradas ilustrações na *Belgique Horticole*. Outros botânicos também tiveram grande importância no estudo de bromélias ornamentais na última metade do século 19, como C. Kock na Alemanha, Regel na Rússia, Antonie na Áustria e Lemaire, Linden e André na França. A maioria das espécies ornamentais, descritas nesse período e posteriormente, eram de origem brasileira (SMITH, 1955).

O cultivo de bromélias continuou a ganhar adeptos na Europa Central e Ocidental até o início do século 20, quando as condições políticas e econômicas culminaram na Primeira Guerra Mundial, provocando uma falta de estímulo na horticultura em geral. Após 1945, o interesse pelo cultivo de espécies de bromélias voltou a aumentar não só na Europa, mas também nos Estados Unidos, Austrália, Nova Zelândia e em outros países (BENZING, 1980).

A horticultura de bromélias desenvolveu-se mais tarde nos Estados Unidos, entretanto produtores já listavam espécies para venda desde o final do século 19. Na década de 1950, o cultivo de bromélias começou a contar com o apoio da Sociedade de Bromélias, muito importante até os dias de hoje. No Brasil, apesar de serem muito apreciadas nos jardins imperiais do Rio de Janeiro desde 1968, o interesse pelo seu cultivo para a comercialização como plantas ornamentais é muito recente.

História recente

Apesar das inúmeras finalidades para as quais as bromélias podem ser utilizadas, as quais já foram descritas neste capítulo, o seu valor ornamental é indiscutível e parece ser o principal potencial econômico das diferentes espécies pertencentes à família Bromeliaceae. No Brasil, a comercialização das bromélias como plantas ornamentais data aproximadamente do início da década de 1990. Neste País, assim como em outros de colonização latina, a valorização de espécies silvestres como plantas ornamentais é pouco tradicional, diferente do que acontece em países europeus, os quais têm incorporado em sua cultura a apreciação da jardinagem e da integração do homem com a natureza (TOMBOLATO et al., 2004). No Brasil, o precursor da utilização das bromélias em paisagismo foi Burle Marx, na década de 1960. Desde então, essas plantas foram lentamente conquistando a preferência dos paisagistas e consumidores. Além de agradar o gosto

popular, as bromélias resolvem um problema do paisagismo moderno, que é a ocorrência, cada vez maior, de jardins pequenos. Essas plantas são de fácil adaptação e necessitam de pouca terra para sua sobrevivência (MARTINELLI, 2001; BIODIVERSITY REPORTING, 2006). Além disso, as bromélias preenchem pré-requisitos básicos quando pensamos em espécies ornamentais, já que apresentam beleza, durabilidade e versatilidade. Um dos aspectos interessantes é que as espécies podem não só apresentar flores vistosas, mas também brácteas e folhagens com grande apelo estético, podendo, ainda, uma planta durar vários meses. Aspectos como esses têm tornado essas plantas cada vez mais apreciadas, o que faz com que elas sejam mais extraídas da natureza (COFFANI-NUNES, 2002).

Apesar da crescente demanda na utilização de bromélias como plantas ornamentais, atualmente são poucos os produtores efetivos que atendem ao mercado consumidor, havendo, portanto, uma procura maior do que a oferta. Sendo assim, surge uma lacuna que é preenchida com o comércio ilegal de espécies de bromélias provenientes do extrativismo (COFFANI-NUNES, 2002). Por causa da clandestinidade da atividade extrativista, a obtenção de dados sobre a comercialização do produto torna-se bastante complexa. Um levantamento pioneiro foi realizado por COFFANI-NUNES (2002) com o objetivo de identificar a origem do material comercializado no eixo Rio-São Paulo; entretanto, o autor concluiu que determinar a origem das plantas pode ser uma tarefa bastante difícil, já que aspectos como o perfil socioeconômico e as características de cada região estão diretamente envolvidos nesse processo.

A diferenciação entre plantas produzidas em viveiros daquelas provenientes de extrativismo é bastante difícil, já que depende diretamente da declaração do comerciante. Em geral, o que se observa é que plantas cultivadas apresentam maior qualidade e uniformidade, e aquelas coletadas da floresta, em geral, apresentam folhas danificadas e pouca homogeneidade entre as matrizes.

No Rio Grande do Sul, não há uma estimativa concreta da proporção de plantas provenientes de extrativismo; entretanto, os depoimentos dos paisagistas nos permitem inferir que grande parte do produto comercializado no estado ainda é proveniente de extrativismo ilegal¹.

Existem muitas espécies ornamentais, ou mesmo com potencial ornamental, ainda sob exploração extrativista, principalmente por falta de pesquisas que definam técnicas de cultivo. Essas espécies são consideradas nativas, ou silvestres, e são definidas como aquelas não manipuladas pelo homem. Diversas espécies da flora brasileira, incluindo diferentes tipos de bromélias, pertencem a esse grupo de plantas. A partir da manipulação inicial dessas plantas, ainda sem um trabalho de melhoramento, as mesmas passam a ser denominadas semidomesticadas. A espécie é considerada domesticada somente após os processos de melhoramento genético e cultural. Algumas espécies nativas do Brasil foram domesticadas no passado, a exemplo do abacaxi, do amendoim e do cacau. Mais recentemente, algumas espécies ornamentais vêm sendo exploradas e denominadas como semidomesticadas, tais como orquídeas, petúnias e madressilvas (TOMBOLATO et al., 2004).

Perspectivas

Para que haja um aumento na produção comercial de bromélias, deve haver um investimento expressivo no setor. Entretanto, as práticas culturais adequadas às diferentes espécies só poderão ser aplicadas mediante o aumento da pesquisa na área. Aspectos básicos como sistema reprodutivo e número cromossômico ainda são desconhecidos para muitas espécies, o que torna inviável a domesticação e o melhoramento dessas plantas.

¹ Entrevista concedida pela profissional de paisagismo Bibiana Mariano da Rocha à professora Fernanda Bered, da UFRGS, em 2006.

Referências

- BARFUSS, M. H. J.; SAMUEL R.; TILL W.; STUESSY T. F. Phylogenetic relationships in subfamily Tillandsioideae (Bromeliaceae) based on DNA sequence data from seven plastid regions. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 92, p. 337-351, 2005.
- BENNETT, B. C.; BAKER, M. A.; GÓMEZ, P. Ethnobotany of the Shuar Eastern Ecuador. **Advances in Economic Botany**, Bronx, NY, v. 14, p. 1-299, 2002.
- BENNETT, B. C. Ethnobotany of Bromeliaceae. In: BENZING, D. H. **Bromeliaceae: profile of an adaptative radiation**. Cambridge: Cambridge University Press, 2000. p. 587-608.
- BENZING, D. **The biology of the bromeliads**. Eureka: Mad River Press, 1980. 305 p.
- BENZING, D. H. **Bromeliaceae: profile of an adaptative radiation**. Cambridge: Cambridge University Press, 2000. 690 p.
- BILLINGS, F. H. A study of *Tillandsia usneoides* **Botanical Gazette**, Chicago, v. 38. p. 99-121, 1904.
- BIODIVERSITY REPORTING. Disponível em: <<http://www.biodiversityreporting.org>>. Acesso em: 1 ago. 2006.
- BREWBACKER, J. C.; GORREZ, D. D. Genetics of self-incompatibility in the monocot genera *Ananas* (pineapple) and *Gasteria*. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 54, p. 661-615, 1987.
- BROWN, G. K. Dados moleculares em Bromeliaceae. In: LEME, E. M. C. **Bromélias da Mata Atlântica: *Nidularium***. Rio de Janeiro: Hamburg Donnelley, 2000. 264 p.
- BROWN, G. K. GILMARTIN, A. J. Chromosome numbers in Bromeliaceae. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 76, n. 5, p. 657-665, 1989.
- BROWN, G. K.; GILMARTIN, A. J. Chromosomes of the Bromeliaceae. **Selbyana**, Sarasota, v. 9, p. 88-93, 1986.
- BROWN, G. K.; PALACÍ, C. A.; LUTHER, H. E. Chromosome numbers in Bromeliaceae. **Selbyana**, Sarasota, v. 18, n. 1, p. 85-88, 1997.
- CEITA, G. **Citogenética em espécies de Bromeliaceae**. 2002. 34 f. Monografia (Conclusão de Curso de Ciências Biológicas) - Universidade Federal da Bahia, Salvador.
- CLARK, W. D.; CLEGG, M. T. Phylogenetic comparasions among *rbcL* sequences in Bromeliaceae. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 77, p. 115, 1990.
- COFFANI-NUNES, J. V. Bromélias. In: SIMÕES, L. L.; LINO, C. F. (Org.). **Sustentável Mata Atlântica: a exploração de recursos vegetais**. São Paulo: Senac, 2002. p. 119-132.
- COTIAS-DE-OLIVEIRA, A. L.; ASSIS, J. G. A.; DE BELLINTANI, M. C.; ANDRADE, J. C.; GUEDES, M. L. S. Chromosome numbers in Bromeliaceae. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 1, p. 173-177, 2000.
- CRAYN, D. M.; WINTER, K.; SMITH, J. A. C. Multiple origins of crassulacean acid metabolism and the epiphytic habit in the Neotropical family Bromeliaceae. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 101, n. 10, p. 3.703-3.708, 2004.
- FARIA, A. P. G.; WENDT, T.; BROWN G. K. Cladistic relationship of *Aechmea* (Bromeliaceae, Bromelioideae) and allied genera. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, Saint Louis, v. 91, n. 2, p. 303-319, 2004.
- GARDNER, C. S. Inferences about pollination in *Tillandsia* (Bromeliaceae). **Selbyana**, Sarasota, v. 9, p. 76-87, 1986.

- GARDNER, C. S. **A systematic study of *Tillandsia* subgenus *Tillandsia***. 1982. 305 f. Tese (Doutorado em Botânica) - Texas A & M University, College Station.
- GAUTHÉ, J. Contribution à l'étude caryologique des Tillandsiées. **Mémoires du Muséum National d'Histoire Naturelle**, Paris, v. 16, p. 39-59, 1965.
- GILMARTIN, A. J.; BROWN, G. K. Bromeliales, related monocots, and resolution of relations among Bromeliaceae subfamilies. **Systematic Botany**, Laramie, v. 12, n. 4, p. 493-500, 1987.
- GILMARTIN, A. J.; BROWN, G. K. Cleistogamy in *Tillandsia capillaries* (Bromeliaceae). **Biotropica**, Lawrence, v. 17, p. 256-259, 1985.
- GITAÍ, J.; HORRES, R.; BENKO-ISEPPON, A. M. Chromosomal features and evolution of Bromeliaceae. **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 253, p. 65-80, 2005.
- GIVNISH, T. J.; SYSTMA K. J.; SMITH, J. F. Adaptive radiation, plant-animal interactions, and molecular evolution in the bromeliad genus *Brocchinia*. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 77, n. 6, p. 174-175, 1990b.
- GIVNISH, T. J.; SYSTMA K. J.; SMITH J. F. A re-examination of phylogenetic relationships among bromeliad subfamilies using cpDNA restriction site variation. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 77, n. 6, p. 133, 1990a.
- HORRES, R.; ZIZKA G.; KAHL, G.; WEISING, K. Molecular phylogenetics of Bromeliaceae: evidence from *trnL*(UAA) intron sequences of the Chloroplast Genome. **Plant Biology**, Stuttgart, v. 2, p. 306-315, 2000.
- JUDD, W.; CAMPBELL, C. S.; KELLOGG, E. A.; STEVENS, P. F. **Plant systematics: a phylogenetics approach**. Sunderland: Sinauer, 1999. 464 p.
- LEME, E. M. C. Bromélias. **Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 3, n. 14, 1984.
- LINDSCHAU, M. Beiträge zur zytologic der Bromeliaceae. **Planta**, Berlin, v. 20, p. 506-530, 1933.
- McWILLIAMS, E. Chromosome number and evolution. In: SMITH, L.; DOWNS, R. J. (Org.). **Flora Neotropica: Monography 14 part 1 – Pitcairnioideae**. New York: The New York Botanical Garden, 1974. p. 33-39.
- MARCHANT, C. J. Chromosome evolution in Bromeliaceae. **Kew Bulletin**, London, v. 21, p. 161-170, 1967.
- MARTINELLI, G. Flores, estrelas tropicais. **Globo Rural**, São Paulo, v. 193, p. 1-3, 2001.
- MARTINELLI, G. Reproductive biology Bromeliaceae in the Atlantic rainforest southeastern Brazil. 1994. 221 f. Tese (Doutorado em Ecologia) - University of St. Andrews, Saint Andrews.
- PAGGI, G. M.; PALMA-SILVA, C.; SILVEIRA, L. C. T.; KALTCHUK-SANTOS, E.; BODANESE-ZANETTINI, M. H.; BERED, F. Reproductive system of *Vriesea gigantea* Gaud. (Bromeliaceae) in Southern Brazil. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 94, p. 683-689, 2007.
- PALMA-SILVA, C. **Análises citogenéticas em espécies de *Vriesea* e *Aechmea* (Bromeliaceae) nativas do Rio Grande do Sul**. 2003. 90 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.
- PALMA-SILVA, C.; SANTOS, D. G.; KALTCHUK-SANTOS, E.; BODANESE-ZANETTINI, M. H. Chromosome numbers, meiotic behavior, and pollen viability of species of *Vriesea* and *Aechmea* genera (Bromeliaceae) native to Rio Grande do Sul, Brazil. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 91, n. 6, p. 804-807, 2004.
- POREMBSKI S.; BARTHLOTT, W. *Pitcairnia feliciana*: the only indigenous African bromeliad. **Harvard Papers in Botany**, Cambridge, v. 4, p. 175-184, 1999.

- RANKER, T. H.; SOLTIS, D. E.; SOLTIS, P. S.; GILMARTIN, A. J. Subfamilial phylogenetic relationships of Bromeliaceae: evidence from chloroplast DNA restriction site variation. **Systematic Botany**, Laramie, v. 15, n. 3, p. 425-434, 1990.
- SHARMA, A. K.; GHOSH, I. Cytotaxonomy of the family Bromeliaceae. **Cytologia**, Tokio, v. 36, p. 237-247, 1971.
- SMITH, L. B. **Bromeliaceae of Brazil**. Baltimore: Smithsonian Institution, 1955. 290 p.
- SMITH, L. B. Geographical evidence on the lines of evolution in Bromeliaceae. **Botanische Jahrbücher für Systematik, Pflanzengeschichte and Pflanzengeographie**, Stuttgart, v. 66, p. 446-468, 1934.
- SMITH, L. B.; DOWNS, R. J. **Flora Neotropica**: Monography 14 part 1 – Pitcairnioideae. New York: Hafner, 1974. 662 p.
- SMITH, L. B.; DOWNS, R. J. **Flora Neotropica**: Monography 14 part 2 – Tillandsioideae. New York: Hafner, 1977. 829 p.
- SMITH, L. B.; DOWNS, R. J. **Flora Neotropica**: Monography 14 part 3 – Bromelioideae. New York: Hafner, 1979. 649 p.
- TERRY, R. G.; BROWN, G. K.; OLMSTEAD, R.G. Examination of subfamilial phylogeny in Bromeliaceae using comparative sequencing of the plastid locus *ndhF*. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 84, p. 664-670, 1997a.
- TERRY, R. G.; BROWN, G. K.; OLMSTEAD, R. G. Phylogenetic relationships in subfamilial Tillandsioideae (Bromeliaceae) using *ndhF* sequences. **Systematic Botany**, Laramie, v. 22, p. 333-345, 1997b.
- TOMBOLATO, A. F. C.; VEIGA, R. F. A.; BARBOSA, W.; COSTA, A. A.; BENATTI-JÚNIOR, R.; PIRES, E. G. Domesticação e pré-melhoramento de plantas: I. Ornamentais. **O Agrônomo**, Campinas, v. 56, p. 12-14, 2004.
- WEISS, H. E. Étude caryologique et cyto-taxonomique de quelques broméliacées. **Mémoires du Muséum National d'Histoire Naturelle**, Paris, v. 16, p. 9-38, 1965.



Cebola

Das lágrimas ao sabor

Foto: Valder Valeirão





Cebola

Rosa Lía Barbieri

No Brasil, a cebola é a terceira hortaliça em área cultivada, sendo superada apenas pela batata e pelo tomate (BOEING, 2002).

Apreciada por muitas civilizações desde a Antigüidade, tem lugar de destaque na culinária, sendo presença constante também na mesa dos brasileiros. Seus bulbos tanto podem ser consumidos crus, fritos, assados e fervidos, quanto utilizados no preparo dos mais variados pratos, desde sopas, molhos e cozidos, até conservas.

Além da pungência, sabor e aroma amplamente explorados pela gastronomia, a cebola apresenta importantes propriedades funcionais (FENWICK; HANLEY, 1985). Efeitos benéficos à saúde são conferidos tanto por seus compostos organosulfurados, responsáveis pelo seu típico odor e sabor, como pelos flavonóides, em particular a quercetina, com propriedades anticarcinogênicas bem conhecidas (KATO et al., 1983; DESCHNER et al., 1991).

Os compostos com enxofre apresentam ação antibacteriana e atuam também contra o câncer e doenças cardíacas (HEINZMANN, 2001). Os bulbos contêm ainda vitaminas A, B1, B2, B5 e C, além de sais minerais, como potássio, fósforo, cálcio, sódio, silício, magnésio, ferro, flúor, glicoquinina, ácido salicílico e secretina (SCHNEIDER, 1990; CORREA et al., 2001). Também contém cromo, um elemento traço que ajuda na resposta celular à insulina (THE WORLD'S HEALTHIEST FOODS, 2005).

Nos bulbos de cebola, átomos de enxofre estão presentes em vários aminoácidos não-protéicos e não-voláteis, que incluem os precursores dos compostos voláteis responsáveis pelo sabor. Esses precursores são inodoros, mas, quando o tecido fresco dos bulbos é danificado, os precursores de sabor reagem sob o controle da enzima alinase, para liberar amônia, piruvato e ácidos sulfênicos. A enzima que catalisa essas reações fica limitada ao interior do vacúolo celular, enquanto os precursores de sabor estão contidos no citoplasma. Somente quando há o rompimento das células e, conseqüentemente, dos vacúolos, é que a enzima e os precursores entram em contato e ocorre a reação. Os ácidos sulfênicos, uma vez liberados, sofrem rearranjos espontâneos e inter-reações para produzir um amplo espectro de compostos voláteis fortemente aromáticos. O ácido propenil-sulfênico, produzido espontaneamente na cebola, rearranja sua estrutura química para formar o indutor de lágrimas tiopropanal S-óxido (BREWSTER, 1994), o qual irrita os olhos e provoca a produção de lágrimas em abundância. Essa reação, poeticamente descrita em um site de gastronomia como “cortar cebolas, invariavelmente, nos leva a emocionadas lágrimas, necessárias para o sabor especial da maioria dos pratos” (PRAZERESDAMESA, 2007), é também cantada na música popular brasileira, como em *Você não entende nada*, de Caetano Veloso: “Lágrimas nos olhos, de cortar cebola...”.

Taxonomia

A cebola, *Allium cepa* L., pertence ao gênero *Allium*, que abrange cerca de 500 espécies, as quais apresentam bulbos que se desenvolvem sob o solo (VAUGHAN; GEISSLER, 1997). A posição taxonômica do gênero tem sido motivo de controvérsia. Em classificações mais antigas, foi colocado na família Liliaceae, depois foi incluído na família Amaryllidaceae, sendo atualmente considerado como pertencente à família Alliaceae (FRITSCH; FRIESEN, 2002).

Apesar de serem propostas outras classificações, a hierarquia proposta por Takhtajan (1997) é a que vem sendo adotada:

- 1) Classe: Liliopsida.
- 2) Subclasse: Liliidae.
- 3) Superordem: Lilianae.
- 4) Ordem: Amaryllidales.
- 5) Família: Alliaceae.
- 6) Subfamília: Allioideae.
- 7) Tribo: Allieae.

Citogenética

A maioria das espécies de *Allium* é nativa da Eurásia e do Mediterrâneo, e mais de 90 % das espécies que ocorrem nessas áreas têm um número cromossômico básico de oito. Mais de 95 % das espécies norte-americanas de *Allium* têm um número cromossômico básico de sete, e algumas espécies da Eurásia apresentam um número cromossômico básico de nove. A maior parte das espécies de *Allium* é diplóide, com $2n=2x=14$, 16 ou 18 (VED BRAT, citado por HAVEY, 2002).

A cebola é uma espécie diplóide, com $2n=16$, e atualmente só existe na forma cultivada. Os parentes silvestres mais próximos são *A. oschaninii* O. Fedtsh. e *A. vavilovii* M. Pop. et Vved., que também são diplóides ($2n=16$). Essas espécies silvestres são pouco competitivas e crescem sobre rochas ou locais rochosos, geralmente em pequenas populações, em locais abertos, junto com outros tipos de vegetação. Elas têm um longo ciclo de crescimento anual, que compreende desde a primavera até o inverno. *A. oschaninii* ocorre sobre uma ampla área que inclui as montanhas Pamir Altai, no Tajiquistão, Uzbequistão e norte do Afeganistão. Forma bulbos com mais de cinco centímetros de diâmetro e floresce no verão, após as folhas terem secado. O escapo floral apresenta uma dilatação central, semelhante ao da cebola cultivada (HANELT, 1990). *A. vavilovii* é encontrada nas montanhas Koppet-dag (no Turcomenistão) e no nordeste do Irã e está ameaçada de extinção. As folhas de *A. vavilovii* são completamente falciformes e achatadas e seus bulbos e escapos florais são semelhantes aos de *A. oschaninii*. Análises moleculares revelaram que essa espécie é o parente mais próximo conhecido da cebola cultivada (FRITSCH; FRIESEN, 2002). Outra espécie silvestre que é evolutivamente bastante próxima, *A. galanthum* Kar. et Kir., apresenta uma leve dormência, a qual pode ser superada pela chuva. Essas espécies têm uma fase juvenil prolongada, levando de três a dez anos para atingir o florescimento na natureza. No processo de domesticação, a cebola provavelmente sofreu seleção para bulbos maiores e para crescimento mais rápido, tornando-se uma planta bienal, ao invés de ter um ciclo de vida mais longo. Além disso, foram desenvolvidas barreiras para cruzamentos interespecíficos (BREWSTER, 1994). A cebola moderna é alógama, sendo autocompatível, mas sujeita à depressão endogâmica (MCCOLLUM, 1976).

Distribuição geográfica

O gênero *Allium* tem ampla distribuição no Hemisfério Norte e ocorre desde as zonas subtropicais secas até a zona

boreal. No Hemisfério Sul foi descrita apenas uma espécie, *A. dregeanum* Kunth, que ocorre na África do Sul. O centro primário de diversidade abrange a área compreendida desde a bacia do Mediterrâneo até a Ásia Central e o Paquistão. Um centro secundário de diversidade ocorre no oeste da América do Norte. A evolução do gênero tem sido acompanhada por diversificação ecológica. A maioria das espécies cresce em locais abertos e ensolarados. No entanto, algumas espécies de *Allium* se adaptaram a outros nichos ecológicos. Diferentes tipos de florestas, campos alpinos e subalpinos na Europa, Himalaia e Ásia Central contêm algumas espécies de *Allium*. Até mesmo ambientes salinizados e alcalinos são tolerados por algumas espécies (FRITSCH; FRIESEN, 2002).

O gênero tem grande importância econômica porque inclui mais de 20 espécies cultivadas para uso na alimentação e um grande número de outras espécies usadas como plantas ornamentais. Cebola, cebolinha-verde, alho e alho-porró são as cultivadas com maior importância econômica (RABINOWITCH; CURRAH, 2002).

História

A cebola é uma das mais antigas hortaliças cultivadas. É provável que tenha sido domesticada inicialmente nas regiões montanhosas da Ásia Central (BREWSTER, 1994). Nos estágios iniciais da domesticação, além da coleta das plantas na forma silvestre, é provável que tenha ocorrido também a transferência das mudas para as hortas primitivas (FRITSCH; FRIESEN, 2002). Talvez, há milhares de anos, o excesso de extrativismo tenha tornado escassos os bulbos do ancestral da cebola cultivada, estimulando então sua transferência para o entorno das habitações, iniciando assim o processo de domesticação (HANELT, 1986). Adicional seleção natural e humana favoreceu a mudança no padrão de crescimento alométrico para os

bulbos, o encurtamento do ciclo de vida das plantas para bienalidade e a adaptação a ambientes diversos (HANELT, 1990). A domesticação, no entanto, não mudou o nível de ploidia da cebola (FRITSCH; FRIESEN, 2002).

Os mais antigos registros arqueológicos da utilização da cebola como alimento, uso medicinal e objeto religioso provêm do Egito e datam da Primeira Dinastia – cerca de 3200 a.C. (MCCOLLUM, 1976). Acredita-se que a introdução da cebola no Egito provavelmente tenha ocorrido muito antes, talvez logo após sua domesticação. Os egípcios usavam a cebola, junto com o alho, como oferenda aos deuses, e os retratavam nas tumbas por meio da arte. Nas paredes das pirâmides e nas tumbas datadas da Terceira e da Quarta Dinastias (2700 a.C.) podem ser vistas cebolas esculpidas, indicando sua importância na dieta diária de um grande número de pessoas. (FRITSCH; FRIESEN, 2002). Além disso, em múmias, foram encontradas cebolas na região pélvica, achatadas contra os olhos, amarradas às solas dos pés e ao longo das pernas (COONSE, 1995). Na Bíblia, a cebola aparece no relato do êxodo dos judeus, saindo do Egito em 1500 a.C. em busca da Terra Prometida. Existem evidências de cultivo na Mesopotâmia, datando do final do terceiro milênio a.C. (FRITSCH; FRIESEN, 2002). Como a domesticação da cebola ocorreu em uma região geograficamente distante dali e, considerando o intervalo de tempo para que a cebola já domesticada chegasse ao Egito e à Mesopotâmia, tudo parece indicar que a domesticação da cebola tenha ocorrido há mais de 5 mil anos.

Antigos textos hindus relatam o uso medicinal da cebola na Índia no século 6 a.C., ressaltando seu poder diurético e recomendando seu uso para a digestão, o coração, os olhos e as articulações (MCCOLLUM, 1976). Na China, o chá de cebola era recomendado para febre, cólera, disenteria e dor de cabeça (BLOCK, 1985). Plínio, o Velho, catalogou as crenças romanas sobre a eficácia da cebola

para curar a visão, induzir o sono, curar mordidas de cachorro, dores de dente e disenteria. Durante a Idade Média, além de servir como alimento, as cebolas eram receitadas para aliviar dores de cabeça, picadas de cobra e queda de cabelo (NATIONAL ONION ASSOCIATION, 2007).

A partir do Egito, os romanos disseminaram a planta através da Europa (VAUGHAN; GEISSLER, 1997). Autores gregos e romanos da Antigüidade, como Hipócrates (430 a.C.), Teofrasto (322 a.C.) e Plínio (ano 79), descreveram diversas variedades de cebola: arredondadas ou alongadas, suaves ou pungentes. Suas cores também eram descritas como variadas: brancas, amarelas ou vermelhas (MCCOLLUM, 1976). Há evidências de que foram os romanos que a levaram para além do norte dos Alpes, uma vez que todos os nomes que designam a cebola nas línguas da Europa Central e no Oeste do continente são derivados do latim. Diferentes variedades de cebola aparecem descritas em catálogos agrícolas do século 9, mas o cultivo da cebola só se tornou amplamente disseminado na Europa durante a Idade Média, sendo introduzido na Rússia provavelmente nos séculos 12 e 13 (FRITSCH; FRIESEN, 2002).

A cebola estava entre as primeiras plantas trazidas da Europa para serem cultivadas nas Américas. Cristóvão Colombo a trouxe em sua segunda viagem. Foi cultivada em janeiro de 1494, em Isabela, atual República Dominicana. Os espanhóis logo a disseminaram através das Américas Central e do Sul, e até mesmo os índios norte-americanos aprenderam com os europeus a apreciar e cultivar essa espécie (SWAHN, 1997). Os portugueses também contribuíram para disseminar a cebola pelo mundo, uma vez que eram grandes apreciadores desse bulbo. O folclorista Luís da Câmara Cascudo comenta, em sua obra *História da Alimentação no Brasil*, que “alho, cebola e cominho acompanhavam o português como a mostarda o inglês” (CASCUDO, 2004).

O germoplasma de cebola, disseminado por meio das viagens e do comércio internacional, lentamente se tornou adaptado a cada região para o qual foi levado e originou, no decorrer dos séculos, variedades locais (também conhecidas como etnovariedades, variedades crioulas ou *landraces*) adequadas aos diversos climas e às preferências alimentares do mundo (BREWSTER, 1994). A ampla variação em caracteres de bulbo, observada nas cebolas atuais, indica que houve intensa seleção artificial. O peso de bulbo pode atingir até 1 kg em algumas cultivares do sul da Europa, e o formato de bulbo varia desde globoso até discóide achatado, existindo também variedades com bulbos em forma de garrafa. A cor das cascas pode ser branca, prateada, amarelada, bronze, vermelho rosado, púrpura ou violeta. A cor das escamas internas pode variar de branco a vermelho-azulado. Existe também muita variação no sabor e na durabilidade pós-colheita. No entanto, os órgãos que não sofreram seleção humana, como as flores, foram pouco afetados pela domesticação e exibem pouca variação (FRITSCH; FRIESEN, 2002).

Imigrantes açorianos trouxeram variedades de cebola para o Sul do Brasil no século 18 (MELO et al., 1988; FONTOURA, 1994). As variedades trazidas sofreram ação da seleção humana e, além disso, da seleção natural no novo ambiente. Até hoje, alguns agricultores dos municípios de Rio Grande e São José do Norte, no Rio Grande do Sul, ainda mantêm variedades locais que descendem daquele germoplasma. Essas variedades locais são classificadas em três categorias: Baía Periforme, Pêra Norte e Crioula, conforme descrito por Costa (1997).

A categoria Baía Periforme é composta por populações derivadas de uma cebola portuguesa denominada Garrafal. Apresenta adaptação ao cultivo em condições de clima úmido, com bulbos de formato periforme, coloração amarelada, pungência elevada e casca fina, com intensa cerosidade foliar, o que contribui para sua adaptação à região tropical e subtropical de clima úmido.

A categoria Pêra Norte agrupa genótipos tardios, possivelmente originados a partir de variedades da África do Norte, as quais, após introdução na Ilha dos Açores, chegaram ao Brasil trazidas pelos imigrantes. Apresenta bulbo piramidal, de coloração acastanhada, com boa retenção de escamas, período de dormência prolongado, pungente e com boa capacidade de armazenamento. Tem bastante cerosidade foliar, resultando em adaptação ao cultivo em clima úmido.

A categoria Crioula surgiu na região produtora de cebola do Alto Vale do Rio Itajaí, em Santa Catarina. Resultou, provavelmente, do cruzamento entre populações do tipo Pêra Norte e do tipo Baía Periforme, seguido de seleção realizada pelos produtores locais. Apresenta bulbos globosos, com casca de coloração marrom-acastanhada. Há também variedades locais de populações do tipo Crioula, que apresentam bulbo com coloração roxa, conhecidas como Crioula Roxa.

Esse germoplasma vem sendo utilizado ao longo dos anos como base para diversos programas de melhoramento genético de instituições públicas e privadas do País (LISBÃO, 1993).

O banco ativo de germoplasma de cebola da Embrapa Clima Temperado (Pelotas, RS) é a principal coleção de cebola no País. É composto por variedades locais de cebola do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina e por variedades comerciais. A Embrapa Clima Temperado lançou três cultivares ('Primavera', 'Aurora' e 'BRS Cascata') desenvolvidas a partir de seleção massal de variedades locais conservadas nesse banco (BARBIERI et al., 2005).

Referências

BARBIERI, R. L.; CASTRO, C. M.; MITTELMANN, A.; MAGALHÃES JUNIOR, A. M.; PEREIRA, A. S.; LEITE, D. L.; CHOER, E.; ANTUNES, I. F.; CASTRO, L. A. S.; RASEIRA, M. C. B.; MARIOT, M. P.; FAGUNDES, P. R. R.; SILVA, S. D. A.; TREPTOW, R. **Conservação *ex situ* de recursos genéticos vegetais na Embrapa Clima Temperado**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2005. 27 p. (Embrapa Clima Temperado. Documentos, 143).

- BLOCK, E. The chemistry of garlic and onions. *Scientific American*, New York, v. 252, n. 3, p. 114-119, 1985.
- BOEING, G. Descrição geral da produção no Brasil. In: JORNADA CIENTÍFICA DE CEBOLA DO MERCOSUL, 5., 2002, Pelotas. **Resumos**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2002. p. 72-73.
- BREWSTER, J. L. **Onions and other cultivated alliums**. Wallingford: CABI International, 1994. 236 p.
- BOITEAUX, L. S.; MELO, P. C. T. **Sistema de produção de cebola (*Allium cepa* L.)**. Disponível em: <<http://www.cnph.embrapa.br/sistprod/cebola/index.htm>>. Acesso em: 3 jul. 2007.
- CASCUDO, L. C. **História da alimentação no Brasil**. 3. ed. São Paulo: Global, 2004. 954 p.
- COONSE, M. **Onions, leeks & garlic: a handbook for gardeners**. College Station: Texas A&M University Press, 1995. 136 p.
- COSTA, C. P. Germoplasma de cebola brasileiro e seu uso no melhoramento. In: SEMINÁRIO NACIONAL DE CEBOLA, 9., 1997, Pelotas. **Resumos**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 1997. p. 2.
- DESCHNER, E. E.; RUPERTO, J.; WONG, G.; NEWMARK, H. L. Quercetin and rutin as inhibitors of azoxymethanol-induced colonic neoplasia. *Carcinogenesis*, Oxford, v. 12, n. 7, 1991, p. 1.193-1.196.
- FENWICK G. R.; HANLEY A. B. The genus *Allium* - part 3. **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, Philadelphia, v. 23, 1985. p. 1-73.
- FONTOURA, L. F. M. **As relações de produção e a produção do espaço agrário em São José do Norte**. 1994. 126 f. Dissertação (Mestrado em Sociologia) – Curso de Pós-Graduação em Sociologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.
- FRITSCH, R. M.; FRIESEN, N. Evolution, domestication and taxonomy. In : RABINOWITCH, H. D.; CURRAH, L. (Ed.). **Allium crop science recent advances**. Wallingford: CABI, 2002. p. 5-30.
- HANELT, P. Pathway of domestication with regard to crop types (grain legumes, vegetables). In: BARRIGOZI, C. (Ed.). **The origin and domestication of cultivated plants**. Amsterdam: Elsevier, 1986. p. 179-199.
- HANELT, P. Taxonomy, evolution and history. In: RABINOWITCH, H. D.; BREWSTER, J. L. (Ed.). **Onions and allied crops**. Boca Raton: CRC, 1990. v. 1. p. 1-26.
- HAVEY, M. J. Genome organization in *Allium*. In: RABINOWITCH, H. D.; CURRAH, L. (Ed.). **Allium crop science: recent advances**. Wallingford: CAB International, 2002. p. 59-79.
- HEINZMANN, B. M. Compostos com enxofre. In: SIMÕES, C. M. O.; SCHENKEL, E. P.; GOSMANN, G.; MELLO, J. C. P.; MENTZ, L. A.; PETROVICK, P. R. (Ed.). **Farmacognosia: da planta ao medicamento**. 3. ed. Porto Alegre: Ed. UFRGS; Florianópolis: UFSC, 2001. p. 633-650.
- KATO, R.; NAKADATE, T.; YAMAMOTO, S.; SUGIMURA, T. Inhibition of 12-O-tetradecanoylphorbol-13-acetate-induced tumor promotion and ornithine decarboxylase activity by quercetin: possible involvement of lipoxygenase inhibition. *Carcinogenesis*, Oxford, v. 4, n. 10, p. 1.301-1.305, 1983.
- LISBÃO, R. S. Cebola. In: FURLANI, A. M. C.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **O melhoramento de plantas no Instituto Agrônomo**. Campinas: Instituto Agrônomo, 1993. 524 p.
- McCOLLUM, G. D. Onion and allies. In: SIMMONDS, N. W. (Ed.). **Evolution of crop plants**. London: Longman, 1976. p. 186-190.
- MELO, P. C. T.; RIBEIRO, A.; CHURATA-MASCA, M. G. C. Sistemas de produção, cultivares de cebola e o seu desenvolvimento para as condições brasileiras. In: SEMINÁRIO NACIONAL DA CEBOLA, 3., Piedade, SP, 1988. **Anais...** Jaboticabal: FUNEP, 1988. p. 27-61.

NATIONAL ONION ASSOCIATION. **About onions:** history. Disponível em: <<http://www.onions-usa.org/about/history.asp>>. Acesso em: 28 jun. 2007.

PRAZERESDAMESA. **Lágrimas com sabor.** Disponível em: <[http:// w.prazeresdamesa.uol.com.br/conteudo/conteudo.php?id=>](http://w.prazeresdamesa.uol.com.br/conteudo/conteudo.php?id=>)>. Acesso em: 28 jun. 2007.

RABINOWITCH, H. D.; CURRAH, L. (Ed.). **Allium crop science:** recent advances. Wallingford: CAB International, 2002. 515 p.

SCHNEIDER, E. **A cura e a saúde pelos alimentos.** 14. ed. Tatuí: Casa Publicadora Brasileira, 1990. 507 p.

SWAHN, J. O. **The lore of spices:** their history, nature and uses around the world. New York: Barnes & Noble, 1997. 208 p.

TAKHTAJAN, A. **Diversity and classification of flowering plants.** New York: Columbia University Press, 1997. 643 p.

VAUGHAN, J. G.; GEISLER, C. A. **The new Oxford book of food plants.** New York: Oxford University, 1997. 239 p.

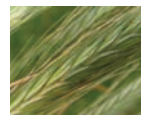
THE WORLD'S HEALTHIEST FOODS. **Onions.** Disponível em: <<http://www.whfoods.com/genpage.php?+name=foodspice&dbid=45>>. Acesso em: 28 jun. 2005.



Centeio

Aspectos evolutivos e potencialidades

Foto: Rosa Lía Barbieri





enteio

Igor Pirez Valério
Irineu Hartwig
Ivandro Bertan

Com elevada rusticidade, o centeio (*Secale cereale* L.) está incluído entre os cereais de maior capacidade adaptativa, podendo ser cultivado ao longo de zonas temperadas e subtropicais, do círculo polar ártico ao Sul do Chile. Segundo Baier (1994), o cereal pode ser produzido em altitudes de até 4.300 m, como nas montanhas do Himalaia, por exemplo. É cultivado com destaque no norte e no leste europeu, porém com ampla distribuição mundial, tendo como parte do grupo que mais cultivam o centeio, os seguintes países: Polônia, Rússia, Alemanha, Ucrânia e Bielo-Rússia. Juntos, esses países respondem por 78 % da área mundial (FAO, 2006). Em virtude de sua tolerância a condições adversas, principalmente frio e moléstias, o centeio constitui um importante pool gênico para o melhoramento de trigo e de outros cereais relacionados. Apresenta inúmeras vantagens em relação a outros cereais, como: a) tolera condições de seca e de frio; b) tem bom desempenho em solos ácidos e pobres de

fertilidade (podendo ser cultivado em condições de pH entre 4,5 e 8,0); c) possui efeitos alelopáticos que podem ser largamente usados no controle de plantas daninhas (RICE, 1984); d) é rico em aminoácidos essenciais como a lisina; e) possui também propriedades que facilitam a circulação sanguínea. Conforme os dados da FAO (2006), houve um declínio na produção mundial de 35 milhões de toneladas, em 1961, para 18 milhões de toneladas, em 2005. Na década de 1990, a produção aumentou para 37 milhões de toneladas (Fig. 1). Outra variação tem sido a redução de área cultivada, a qual atingiu cerca de 80 %. Esse real declínio em produção e área cultivada pode ter ocorrido em virtude da perda de mercado para o trigo, proporcionado pelo menor investimento em pesquisa; além disso, alguns fatores negativos da espécie podem ter sido favoráveis a esse declínio, tais como: a) elevada concentração de pentosanas (hemiceluloses ou glicoprotídeos), as quais dificultam ou retardam a digestão, atrasando a absorção de nutrientes e reduzindo a conversão alimentar (BAIER, 1994); b) coloração escura e ausência de elasticidade na massa do pão de centeio, por possuir como conteúdo principal as proteínas do grupo das gliadinas; c) auto-incompatibilidade e dificuldade na manutenção de genótipos puros, por causa da ocorrência de polinização cruzada; d) expressa elevada estatura de planta, baixa produção de palha e reduzido índice de colheita, acompanhado de deficiência na distribuição de fotoassimilados; e) sensibilidade a determinadas moléstias, que causam preocupação em vários países, como a clavagem, também chamada *ergot* (*Claviceps purpurea*), que, na associação centeio x fungo, produz um alcalóide muito tóxico para o homem e para os animais. Dessa forma, a ocorrência desses fatores, pode ter contribuído para redução da exploração da cultura do centeio no mundo.

A produção de centeio tem por base duas finalidades específicas: grãos e forragem. Os grãos são usados para a produção de inúmeros derivados: a) farinha, segunda em importância depois do trigo, sendo de uso não apenas para

fabricação de pães (utilizado na indústria de panificação em mistura com a farinha de trigo) e biscoitos, mas também na fabricação de cosméticos e colas (por possuir características adesivas, conferida pela secalina); b) ração para animais; c) fabricação de bebidas como cervejas, vodkas e alguns tipos de uísque. As forragens têm o seguinte uso: a) pastejo; b) silagem; c) feno; d) rotação de culturas, principalmente no manejo de algumas moléstias dos cereais de estação fria; e) recuperação de solos degradados, além do uso na prevenção de erosões; f) palhada para cobertura do solo.

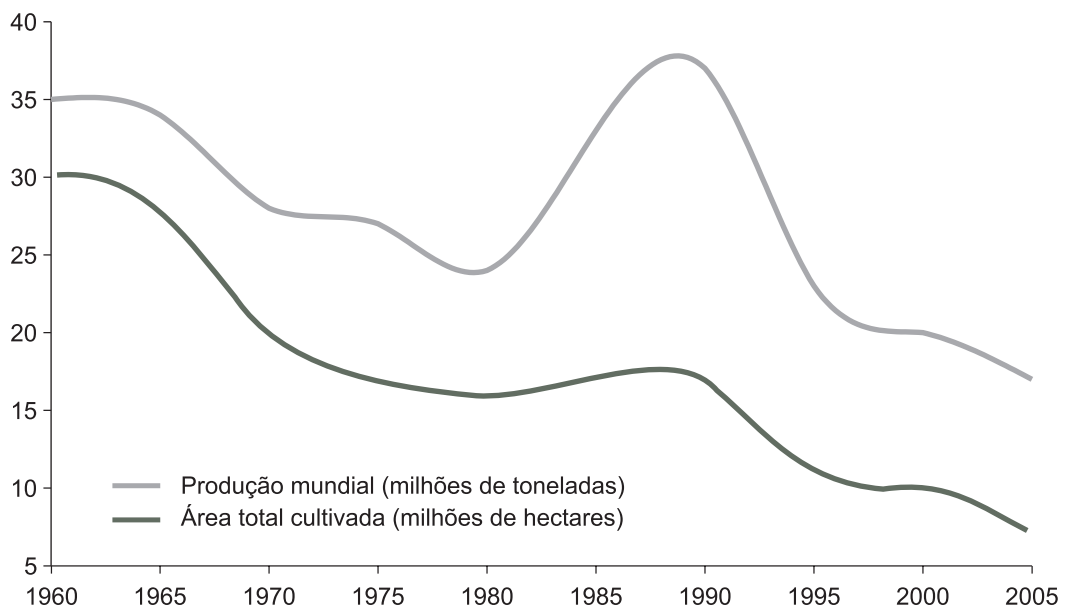


Fig. 1. Evolução da produção mundial do centeio.
Fonte: FAO (2006).

Embora o centeio seja reconhecido como uma espécie de cultivo de inverno, existem muitas variedades de primavera disponíveis para regiões de clima temperado. O centeio de inverno pode ser produzido com sucesso, em áreas onde o frio é muito severo, para a produção de trigo ou aveia. Em condições de temperaturas de campo abaixo de 7 °C, cereais como a aveia e o trigo, em geral, começam ter o seu

crescimento paralisado, enquanto o centeio, que é altamente resistente ao frio, continua o seu desenvolvimento. Na Europa, alguns centeios de primavera são desenvolvidos em regiões onde o inverno é muito rigoroso ou onde a neve cobre as áreas de cultivo por mais de três meses. Essas variedades não exigem vernalização para indução do florescimento, mas, em geral, são menos produtivas, com menor área de produção e relativamente de menor importância econômica.

Citotaxonomia

O centeio segue a seguinte classificação taxonômica: reino Plantae, sub-reino Tracheobionta, divisão Magnoliophyta, subdivisão Spermatophyta, classe Liliopsida, subclasse Commelinidae, ordem Cyperales, família Poaceae (Gramineae), subfamília Pooideae, tribo Triticeae, subtribo Triticineae, gênero *Secale* (ESTADOS UNIDOS, 2006a).

Atualmente o gênero *Secale* tem apenas uma espécie cultivada, enquanto as outras espécies são silvestres ou invasoras (ZOHARY; HOPF, 1993). *Secale* contém quatro espécies reconhecidas, das quais três são anuais (*S. cereale* L., *S. vavilovii* Grouch, e *S. silvestre* Host) e uma perene, *S. strictum* (sinonímia de *S. montanum* Guss). A maioria das espécies do gênero é diplóide, tendo o número básico de cromossomos $x=7$. Existem algumas espécies autotetraplóides ($2n=4x$), produzidas artificialmente pelo uso da colchicina, com 14 pares de cromossomos, as quais são cultivadas em poucas regiões da Europa.

S. cereale ($2x=14$), com genoma RR, é a espécie citogeneticamente mais estudada. Essa planta, de fecundação cruzada, possui como característica um elevado índice de auto-incompatibilidade gametofítica, mecanismo esse muito explorado nos programas de melhoramento genético, herdado por um gene em locos distintos (S e Z) (LUNDQVIST, 1956).

Segundo Singh e Robbelen (1977), a primeira análise consistente de relação entre as espécies *Cereale* revela a existência de translocações que as separam, a saber: a) uma translocação separa *S. montanum* de *S. vavilovii* e de *S. africanum*; b) duas translocações separam *S. cereale* de *S. vavilovii* e de *S. africanum*; c) três translocações separam *S. cereale* de *S. montanum* e de *S. africanum*.

A espécie cultivada (*S. cereale*) é caracterizada por apresentar ciclo anual, ráquis não quebradiço, lâmina foliar plana e grãos grandes, enquanto as formas silvestres possuem ráquis quebradiço na maturação, lâmina foliar em forma de V, grãos pequenos e hábito de crescimento variável entre as espécies anual ou perene. A espécie cultivada contém um grande número de subespécies consideradas invasoras: *S. cereale* ssp. *afghanicum* Vav., *S. cereale* ssp. *dighoricum* Vav. e *S. cereale* ssp. *ancestrale* Zhunk. Conforme destacam Cuadrado e Jouve (2002), as subespécies de *S. strictum* são formadas por dois grupos: *S. striticum* spp. *striticum*, *S. striticum* ssp. *kuprijanovii* Grossh e *S. striticum* spp. *anatolicum* Boiss, no grupo de espécies alógamas, e *S. striticum africanum* Stapf, no grupo das autógamas. Já *S. vavilovii*, autógama e de ciclo anual, é fortemente relacionada com o grupo de *S. cereale* e *S. silvestre*, sendo a espécie de maior diferença no grupo.

Levando em consideração as bases genéticas do centeio em relação às demais espécies cultivadas, era esperado que ele evidenciasse maior intensidade de progresso por dois motivos: em primeiro lugar, o fato de ser uma espécie diplóide proporciona maiores êxitos na acumulação e utilização de genes importantes; em segundo lugar, a espécie possui um sistema reprodutivo com elevada frequência de fecundação cruzada, possibilitando, dessa forma, que as constituições genéticas superiores por recombinação deixem maior número de progênies ajustadas aos diferentes ambientes. Com isso, seria esperado que o centeio tivesse maior adaptabilidade do

que espécies tetraplóides e hexaplóides cultivadas; entretanto, isso não ocorre, principalmente pelo fato de que a fecundação cruzada e o nível de ploidia não são os únicos fatores evolutivos que determinam a adaptabilidade das espécies.

Origem e domesticação

A região geográfica apontada como centro de origem primário do centeio é o sudoeste da Ásia, localização onde se encontra o maior número de acessos das espécies consideradas ancestrais do gênero *Secale*. Entretanto, os primeiros relatos da existência de plantas de centeio foram contemporâneos aos ancestrais do trigo e da cevada, datados entre os anos de 8000 e 10000 a.C., sugerindo que um local de origem secundário pode ser a mesma região de origem desses cereais, ou seja, os países do Crescente Fértil e o Afeganistão (BUSHUK, 2001) – Fig. 2. Para o processo de domesticação, a hipótese mais aceita é a inicialmente formulada por Vavilov (1917), na qual o centeio é enquadrado como cereal de importância secundária em relação ao trigo e à cevada. O propósito de utilização na agricultura iniciou muito tempo depois desses dois cereais, quando se empregou o uso dos grãos em produtos farináceos.

As evidências das formas ancestrais apontam para características de planta perene e de autofecundação, sendo largamente distribuída como planta daninha nas regiões de origem. Provavelmente houve a participação de quatro espécies ancestrais dentro do processo evolutivo até a derivação para a espécie cultivada (*S. cereale*). Os detalhes da alteração da forma perene verificada no *S. montanum* para a forma anual cultivada não são claramente conhecidos e apresentados na literatura. Entretanto, existe consenso de que a *S. montanum* seja realmente a espécie primitiva em relação às demais (EVANS, 1995).

O estabelecimento do centeio em cultivo foi favorecido principalmente pelo componente evolutivo da seleção natural e também da seleção realizada inconscientemente pelos agricultores (EVANS, 1995). Alguns caracteres de planta sofreram pressão de seleção com maior intensidade e tiveram grande importância na fase inicial da domesticação, como a ausência de dormência, deiscência natural dos grãos, incremento na capacidade competitiva e no tamanho dos grãos.

Estudos com marcadores moleculares realizados por Cuadrado e Jouve (2002) buscaram avaliar as diferenças existentes entre as espécies de *Secale*, auxiliando no entendimento do processo evolutivo do centeio. Os resultados evidenciaram diferenças em nível de DNA entre todas as espécies, porém indicam que existem regiões genômicas extremamente conservadas. As modificações ocorridas durante o processo evolutivo, que representam as atuais diferenças entre as espécies do gênero, são justificadas por alterações morfológicas nos cromossomos (não numéricas), por meio de deleções e/ou duplicações de seqüências de DNA, tendo como consequência a perda ou ganho de funções importantes nos caracteres considerados de interesse agrônômico. Por exemplo, a alteração do hábito de planta perene para anual e de autofecundação para fecundação cruzada, entre as espécies ancestrais e a forma cultivada, podem ser interpretadas como ajustes adaptativos que favoreceram a disseminação do centeio em nível mundial.

No centro de origem, que se caracteriza como o local de maior variabilidade genética, ainda é possível verificar a existência de diferenças morfológicas para todos os caracteres da planta, apesar de terem ocorrido perdas de variabilidade durante o processo de seleção natural, os quais não estão presentes nos bancos de germoplasma mundiais (ESTADOS UNIDOS, 2006b). Para coloração de espiga, existem variações de tonalidade, desde a amarelo-

clara até a marrom-escura, enquanto os grãos podem se apresentar de cor verde, castanha, violácea e até mesmo tender para o preto. A espiga revela variações no tamanho, desde largas e curtas a finas e compridas, e na forma, de ereta a decumbente. As glumas podem se apresentar frágeis ou duras e com variações no nível de aderência dos grãos. As aristas variam de tamanho, podendo estar presentes ou ausentes. A estatura das plantas, o formato das folhas e o hábito de crescimento também são caracteres que apresentam grande variabilidade. A existência dessa variabilidade genética representa grande importância para o melhoramento genético da espécie, sendo fonte de genes que muitas vezes não estão presentes nas constituições genéticas atuais.

História antiga

Inicialmente o centeio foi observado como planta daninha no cultivo do trigo e da cevada. Sua disseminação para novas áreas foi iniciada pelo advento da domesticação desses cereais. Por esse motivo, pode ter havido coevolução no processo evolutivo do centeio com o trigo, com a cevada e até mesmo com a aveia. O marco da domesticação do centeio é datado entre os anos de 3000 e 4000 a.C., quando o cultivo foi adotado pelos europeus, atraídos pelo melhor desenvolvimento das plantas em relação aos demais cereais, em solos com menor fertilidade e condições climáticas de temperaturas baixas (STOSKOPF, 1985). Sua utilização teve importância inicialmente com os grãos moídos na forma de farinha para fabricação de pães, tanto no sul da Europa e Ásia quanto no norte da África. Desses locais, o roteiro de disseminação destacou vias pelo sul da Europa em direção ao centro e ao norte, bem como da Ásia para países como Rússia, Polônia e Alemanha (Fig. 2).

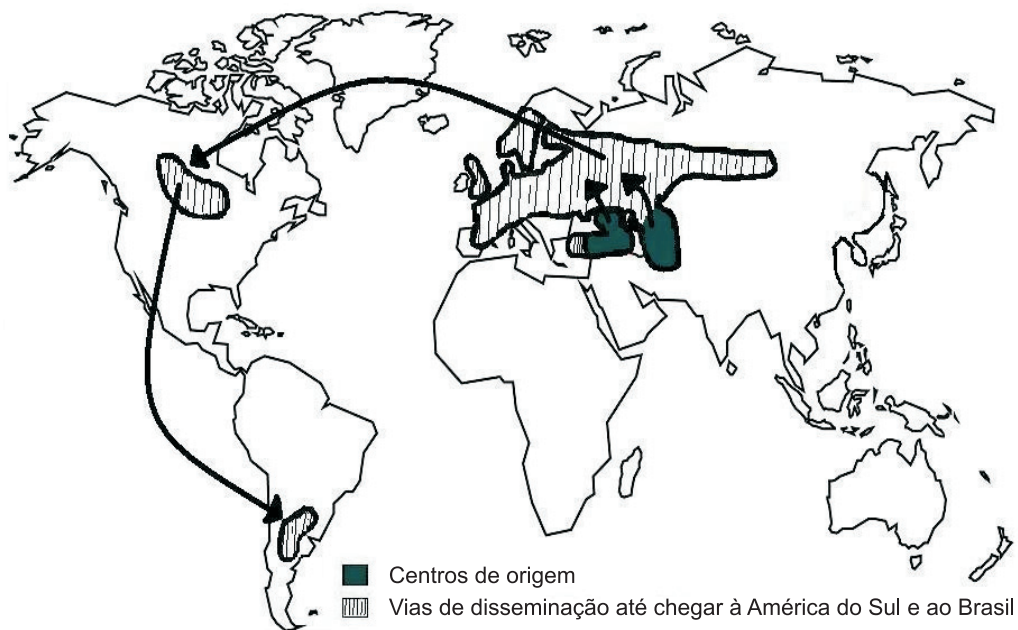


Fig. 2. Regiões geográficas que correspondem aos centros de origem e às vias de disseminação do centeio cultivado (*S. cereale*) até chegar às Américas.

Fonte: Max Plank Institute für Züchtungsforschung (2006).

História recente

O centeio chegou às Américas vindo, provavelmente, da Europa, por volta do século 15 ou 16. Os países que introduziram o cultivo do centeio foram os Estados Unidos e o Canadá. Somente durante os séculos 19 e 20 é que o centeio foi introduzido na América do Sul, inicialmente na Argentina, no Uruguai e no Sul do Brasil – Fig. 2 – (BUSHUK, 2001).

A partir dos centros de origem, quando iniciou a dispersão pelo norte europeu, o centeio se tornou importante espécie cultivada. Esse fato promoveu o desenvolvimento de muitas variedades crioulas (*landraces*) na região. Muitas dessas variedades foram desaparecendo com o surgimento de programas de melhoramento a partir do final do século 19, porém algumas dessas variedades ainda são preservadas em bancos de germoplasma ou ainda são cultivadas por alguns agricultores por interesse próprio (PERSSON; BOTHMER, 2002).

Benefícios à saúde humana

Até os anos de 1970, pouca importância era dada aos estudos relacionados à nutrição humana. Um pronunciado interesse, especialmente relacionado às fibras e a outras propriedades nutricionais dos cereais, foi impulsionado com a publicação da hipótese de Denis Burkitt em 1971, a qual versava sobre o uso das fibras nas dietas alimentares. Porém, com relação ao centeio, o maior impacto e a maior importância nas pesquisas científicas modernas relacionadas à nutrição e à alimentação humana só ocorreram a partir de 1994, quando o Programa de Desenvolvimento Tecnológico da Finlândia implantou o projeto Rye and Health, numa iniciativa conjunta dos países do norte europeu, com o objetivo de estudar compostos inibidores de cânceres. Em 1997, o primeiro resultado desse projeto demonstrou como a dieta com farelo de centeio retarda o desenvolvimento do câncer de próstata. Nesse mesmo período, outros estudos concluíram que a dieta inibe a formação de certos tipos de câncer intestinal.

Alguns benefícios que o centeio promove já são amplamente discutidos, entre eles:

- 1) Efeitos positivos sobre o metabolismo de açúcares: A fibra insolúvel e o grão inteiro do centeio têm a propriedade de reduzir a necessidade de produção de insulina pelo pâncreas após as refeições, ajudando a nivelar a insulina no sangue, reduzindo o risco da diabetes do tipo 2.
- 2) Redução do risco de doenças cardiovasculares: Produtos à base de centeio e aveia são ricos em betaglucanas, redutores dos triglicerídeos e do colesterol.
- 3) Controle da massa corporal: Dietas ricas em fibras do centeio promovem rápido fluxo intestinal. Além disso, o nível de açúcar no sangue flutua menos após as refeições, e isso prolonga o efeito da satisfação alimentar, refletindo no controle da massa corporal.

4) Redução do risco de câncer: Dietas ricas em fibras de grãos de centeio têm efeito na redução do risco de câncer de colo de útero. Pessoas que apresentam elevados níveis de compostos da lignina no sangue revelaram menores riscos de câncer de mama e câncer de próstata. Nesse processo, a lignina (antioxidante) se converte em compostos intermediários por meio de fermentação bacteriana, e esses compostos têm efeito sobre cânceres induzidos por hormônios. Pesquisadores do norte da Europa mostraram que, entre os cereais, o centeio apresenta significativa composição de lignina em diversas partes do grão e comprovaram a conversão de tais compostos intermediários pelo organismo humano. Atualmente, sabe-se que, sinônimo de coração saudável, com baixo risco de ataques cardíacos, está intimamente associado com conteúdos desses compostos da lignina no sangue.

5) Outros suplementos saudáveis: O centeio contém outros componentes benéficos, tais como vitaminas, minerais, antioxidantes e fitoestrógenos. Muitos dos efeitos benéficos à saúde provêm desses componentes do grão inteiro ou das fibras.

As fibras insolúveis do centeio, além de contribuírem para o fluxo intestinal, reduzem a secreção de ácidos biliares (formadores das pedras na vesícula). Problemas como a ocorrência de obesidade e de doenças cardiovasculares, doenças também conhecidas como síndromes metabólicas, afetam pessoas do mundo todo, e, nesse sentido, pesquisas têm sido conduzidas de modo a desenvolver novos produtos e dar orientações aos consumidores sobre dietas mais saudáveis. Os pesquisadores estão especialmente interessados no efeito sobre o sentimento de satisfação alimentar por meio da ingestão de produtos à base de grãos inteiros, e o centeio tem mostrado um grande potencial nesse aspecto. Uma vez definida mais claramente a relação de causa e efeito, baseado nos benefícios à saúde, o centeio pode se tornar importante opção nutricional no intuito de inibir a origem de inúmeras doenças existentes (BUSHUK; TKACHUK, 1992).

Em 1999, nos Estados Unidos, o United State Food and Drug Administration (FDA) aprovou que as embalagens de produtos que contenham, no mínimo, 51 % de massa de ingrediente com grãos inteiros apresentem a seguinte frase impressa: *Diets rich in whole grain foods and other plant foods and low in total fat, saturated fat, and cholesterol, may help reduce the risk of heart disease and certain cancers* (Dietas ricas em grãos inteiros e outros produtos vegetais com baixos teores de gordura total, gorduras saturadas e colesterol podem ajudar na diminuição de riscos de doenças cardiovasculares e certos cânceres). Dessa forma, muitos pães e barras de cereais com centeio satisfazem essa condição e carregam essa informação nas embalagens.

Biotecnologia e melhoramento

Durante os últimos 20 anos, um grande progresso foi obtido a partir do desenvolvimento de híbridos de centeio. Em 2003, híbridos desenvolvidos e cultivados na Alemanha superavam as melhores variedades de polinização aberta, em média de 20 %. Progressos com os híbridos também foram obtidos tanto na resistência ao acamamento e à ferrugem-da-folha, quanto na melhoria da qualidade de panificação. Assim, mais recentemente, maior esforço tem sido empreendido com relação ao desenvolvimento de híbridos nos programas de melhoramento de centeio. Em países de maior tradição no cultivo e na pesquisa, os híbridos apresentam grande importância em relação às variedades de polinização aberta. Na Alemanha, estão registrados 17 híbridos, que correspondem a 60 % do centeio cultivado. Alguns desses híbridos também estão registrados e distribuídos na Áustria, Dinamarca, França, Grã-Bretanha e nos Países Baixos. Outros programas de melhoramento de centeio híbrido estão situados na Suécia. Na Polônia, existem dois e, na Rússia, existem vários. Fora da Europa, há apenas um programa de melhoramento de híbridos, situado na Universidade de Sidney, Austrália.

Os trabalhos de Dorsey (1936) demonstraram a possibilidade de produção de centeio tetraplóide, por intermédio da aplicação de colchicina em centeios $2n=14x$, formando autotetraplóides $2n=28x$, o que motivou o desenvolvimento de variedades comerciais com esse nível de ploidia, principalmente pelo expressivo aumento do tamanho de órgãos vegetativos e reprodutivos. Em virtude disso, inúmeras constituições genéticas foram desenvolvidas, nas quais o ganho maior se refletiu no incremento do tamanho do grão, que chegou a ser 53 % superior em relação às melhores variedades diplóides. Porém, os genótipos tetraplóides não sobressaíam aos diplóides, por causa das desvantagens para produção comercial, tais como a elevada taxa de esterilidade, o reduzido afilhamento, a produtividade no máximo igual às variedades diplóides e outros aspectos associados às espécies tetraplóides.

O centeio possui potencial para contribuir com genes ou segmentos cromossômicos de importância para o trigo e outros cereais (DRISCOLL; ANDERSON, 1967; MA et al., 2004). Por meio da substituição ou translocação cromossômica para o trigo, tem havido incremento da diversidade genética do trigo em caracteres importantes (KUMLAY et al., 2003). A translocação do braço curto do cromossomo 1 do centeio (1RS) para o braço longo dos cromossomos do grupo 1 do trigo tem despertado interesse dos melhoristas, em particular, porque o braço 1RS carrega genes de resistência a estresses bióticos, aracnídeos e insetos (MCINTOSH, 1984). A translocação do braço 1RS do centeio para os cromossomos 1AL (braço longo do cromossomo 1 no genoma A) e 1BL (braço longo do cromossomo 1 no genoma B) do trigo tem sido de maior importância, pois além dos genes de resistência a moléstias, também melhora caracteres agrônômicos de interesse como ampla adaptabilidade e estabilidade de produção (MCKENDRY et al., 1996). Entretanto, o efeito dessa translocação freqüentemente tem mostrado que a qualidade final desses trigos pode não ser satisfatória

(alterações na viscosidade e expansão da massa, principalmente) se comparados ao trigo com os cromossomos padrão. Essa alteração na qualidade final da farinha desses trigos com a translocação do 1RS do centeio ocorre em função da substituição de um braço longo dos cromossomos do grupo 1 do trigo, o qual carrega genes importantes da composição protéica (gliadinas e gluteninas de alto peso molecular). Carver e Rayburn (1995) mostraram que trigos com a translocação 1RS.1BL revelaram pequeno aumento no teor protéico, porém houve decréscimo da estabilidade da massa e do volume de sedimentação em SDS (Dodecil Sulfato de Sódio). Da mesma translocação, Moreno-Sevilla et al. (1995), testando linhas F₃ contendo 1RS.1BL, mostraram que há 9 % de superioridade de produtividade em relação a trigos com genoma padrão. Em relação à translocação simples para o genoma D do trigo, Shepherd et al. (1992) detectaram que a translocação 1RS.1DL afetou negativamente a viscosidade da massa se comparada à translocação 1RS.1BL. Além disso, Graybosch et al. (1993) mostraram que a translocação 1RS.1AL afeta menos a qualidade da farinha de trigo, quando comparada à translocação 1RS.1BL. Dessa forma, a translocação 1RS.1AL tem sido considerada a melhor forma na utilização de genes de interesse do centeio para o melhoramento do trigo (GRAYBOSCH et al., 1993; KUMLAY et al., 2003). Porém, Pena et al. (1990) e Lee et al. (1995) mostraram que é possível selecionar constituições genéticas com qualidade de panificação aceitável de linhas que carregam a translocação 1RS.1BL.

Perspectivas

O desenvolvimento e a aplicação de ferramentas moleculares em centeio ainda são recentes, uma vez que poucos grupos de pesquisa trabalham com esse cereal, aliado ao fato de que possui um genoma relativamente grande. O estudo mais detalhado do genoma pode ser

recompensado pelo fato de que o centeio é uma espécie diplóide e de fecundação cruzada, com elevado grau de polimorfismo, e demonstra tolerância a estresses bióticos e abióticos, que não são encontrados em espécies de gramíneas correlacionadas. Além disso, esses apontamentos chamam a atenção dos pesquisadores, pois atualmente o centeio, entre os cereais, é a única espécie com grãos pequenos que possibilita o desenvolvimento de híbridos comerciais e, dessa forma, pode servir de modelo no melhoramento de híbridos em trigo e em triticale.

Em decorrência da sintonia (conservação no conteúdo entre genomas) na tribo *Triticeae*, o desenvolvimento de marcadores moleculares para o centeio tem sido facilitado. Comparações entre os mapas genéticos de espécies dessa tribo, que inclui trigo, cevada, centeio, aveia e outras espécies silvestres correlatas, como *Aegilops* spp., por exemplo, mostram grande colinearidade entre regiões dos diferentes genomas. O genoma do centeio é altamente colinear com o do trigo hexaplóide, diferindo em apenas sete rearranjos cromossômicos. Naranjo e Fernández-Rueda (1991) mostraram inversão pericêntrica no cromossomo 4R, translocação recíproca entre 3RL e 6RL e múltiplas translocações envolvendo 4RL, 5RL, 6RS e 7RS dos cromossomos do centeio em relação aos do trigo. Os braços 1RS, 1RL, 2RL, 3RS e 5RS do centeio mostram elevada homologia com os mesmos cromossomos do trigo. Isso possibilita o uso de um grande número de marcadores RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), SSR ou microssatélites (Simple Sequence Repeats) e AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphisms) do trigo, alguns da cevada e aveia, diretamente no centeio.

Alguns caracteres morfológicos tiveram seus genes localizados nos cromossomos do centeio, entre eles o hábito primaveril (*sp*), o endosperma ceroso (*Wx - waxy*), genes de resistência ao oídio e à ferrugem-da-folha e genes relacionados à restauração da fertilidade do pólen. Por meio de marcadores genéticos e moleculares, dois genes dominantes de resistência à ferrugem-da-folha, *Pr1* e *Pr2*,

foram mapeados nos cromossomos 6RL e 7RL, respectivamente. Em genótipos, onde esses genes foram incorporados, ambos foram efetivos em relação aos isolados de virulência complexa, tanto em testes em plântulas em laboratório quanto nas plantas adultas em condições de campo. Também nos cromossomos 1RS e 4RL foram mapeados genes de resistência monogênica à ferrugem-da-folha, os quais se mostraram efetivos na redução da virulência.

Em virtude da atual ênfase dada à genômica funcional, os bancos de dados de ESTs (Expressed Sequence Tags) acumulam constantemente informações de um grande número de espécies. Para o centeio, os estudos nesse sentido estão em fase inicial de desenvolvimento e poderão contribuir de forma significativa para o melhoramento da espécie, sendo o mesmo válido para novos estudos com QTLs (Quantitative Traits Loci). Também existem para o centeio, informações que estão sendo depositadas continuamente em bibliotecas de BAC (Bacterial Artificial Chromosome).

A utilização de germoplasma exótico foi e está sendo amplamente usada no melhoramento de caracteres de linhas puras para o desenvolvimento do centeio híbrido ou até mesmo de populações melhoradas. Com a utilização de populações de retrocruzamento, segmentos do genoma podem ser identificados e seus respectivos QTLs podem ser mapeados. Se, por meio de marcadores moleculares, as introgressões são restringidas aos segmentos do cromossomo doador, essa ferramenta pode ser empregada em condições de campo e no mapeando dos QTLs da respectiva população, os quais, posteriormente, podem ser transferidos para constituições genéticas elite por meio de retrocruzamento e selecionados de maneira assistida por meio dos marcadores moleculares detectados.

As inúmeras vantagens agronômicas do centeio apresentadas neste capítulo, aliadas às recentes descobertas dos benefícios que pode trazer à saúde humana, fazem do centeio uma espécie de grandes possibilidades tanto de cultivo quanto de uso. Esses aspectos têm provocado os

cientistas a desenvolverem pesquisas visando à identificação de genes de interesse e à possível incorporação desses genes em linhas elite, ou ainda em outros cereais com maior importância econômica. Além disso, o melhor entendimento e compreensão dos benefícios do centeio à saúde podem beneficiar a população mundial como um todo.

Referências

- BAIER, A. C. **Centeio**. Passo Fundo: EMBRAPA-CNPT, 1994. 29 p. (Embrapa-CNPT. Documentos, 19).
- BUSHUK, W. Rye production and uses worldwide. **Cereal Food World**, Minnesota, v. 46, p. 70-73, 2001.
- BUSHUK, W.; TKACHUK, R. **Gluten protein 1990**. Winnipeg: American Association of Cereal Chemists, 1992. 794 p.
- CARVER, B. F.; RAYBURN, A. L. Comparison of related wheat stocks possessing 1B or T1BL.1RS chromosomes: Grain and flour quality. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 5, p. 1.316-1.321, 1995.
- CUADRADO, A.; JOUVE, N. Evolutionary trends of different repetitive DNA sequences during speciation in the genus *Secale*. **Journal of Heredity**, Washington, v. 93, n. 5, p. 339-345, 2002.
- DORSEY, E. Induced polyploidy in wheat and rye. **Journal of Heredity**, Washington, v. 27, n. 4, p. 155-160, 1936.
- DRISCOLL, C. J.; ANDERSON, L. M. Cytogenic studies of transec: a wheat-rye translocation line. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 9, n. 2, p. 375-380, 1967.
- ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **Germplasm Resources Information Network**. Beltsville, Maryland. Disponível em: <<http://www.ars-grin.gov/cgi-bin/npgs/html/taxon.pl?317600>>. Acesso em: 19 jun. 2006a.
- ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **Germplasm Resources Information Network**. Beltsville, Maryland. Disponível em: <http://www.gramene.org/species/secale/rye_intro.html>. Acesso em: 15 jun. 2006b.
- EVANS, G. M. Rye. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. **Evolution of crop plants**. 2. ed. London: Longman, 1995. p. 166-170.
- FAO. **FAOSTAT**. Disponível em: <<http://www.faostat.fao.org>>. Acesso em: 19 jun. 2006.
- GRAYBOSCH, R. A.; PETERSON, C. J.; HANSEN, L. E.; WORRALL, D.; SHELTON, D. R.; LUKASZEWSKI, A. Comparative flour quality and protein characteristics of 1BL/1RS, and 1AL/1RS wheat-rye translocation lines. **Journal of Cereal Science**, London, v. 17, n. 2, p. 95-106, 1993.
- KUMLAY, A. M.; BAENZIGER, P. S.; GILL, K. S.; SHELTON, D. R.; GRAYBOSCH, R. A.; LUKASZEWSKI, A. J.; WESENBERG, D. M. Understanding the effect of rye chromatin in bread wheat. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 5, p. 1.643-1.651, 2003.
- LEE, J. H.; GRAYBOSCH, R. A.; PETERSON, C. J. Quality and biochemical effects of a 1BL/1RS wheat-rye translocation in wheat. **Theoretical Applied and Genetics**, Berlin, v. 90, n. 1, p. 105-112, 1995.

- LUNDQVIST, A. Self-incompatibility for the production of F1 hybrids in forage grasses. **Heredity**, Stuttgart, v. 32, p. 293-348, 1956.
- MA, R.; YLI-MATTILA, T.; PULLI, S. Phylogenetic relationships among genotypes of worldwide collection of spring and winter ryes (*Secale cereale* L.) determined by RAPD-PCR markers. **Hereditas**, Lund, v. 140, n. 3, p. 210-221, 2004.
- MACKENDRY, A. L.; TAGUE, D. N.; MISKIN, K. E. Effect of 1BL.1RS on agronomic performance of soft red winter wheat. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 4, p. 844-847, 1996.
- MCINTOSH, R. A. A catalogue of gene symbols for wheat. In: INTERNATIONAL WHEAT GENETIC SYMPOSIUM, 6., 1983, Kyoto. **Proceedings...** Kyoto: Kyoto University, 1984. p. 1.197-1.254.
- MAX PLANCK INSTITUTE FÜR ZÜCHTUNGSFORSCHUNG. **Roggen (*S. cereale*)**, 2006. Disponível em: <<http://www2.mpizkoeln.mpg.de/pr/garten/schau/SecalecerealeL./Roggen.html>>. Acesso em: 16 jun. 2006.
- MORENO-SEVILLA, B.; BAENZIGER, P. S.; PETERSON, C. J.; GRAYBOSCH, R.A.; MCVEY, D.V. The 1BL/1RS translocation: agronomic performance of F₃-derived lines from a winter wheat cross. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 4, p. 1.051-1.055, 1995.
- NARANJO, T.; FERNÁNDEZ-RUEDA, P. Homoeology of rye chromosome arms to wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 82, n. 5, p. 577-586, 1991.
- PENA, R. J.; AMAYA, A.; RAJARAM, S.; MUJEEB-KAZI, A. Variation in quality characteristics associated with some spring 1B/1R translocation wheats. **Journal of Cereal Science**, London, v. 12, n. 2, p. 105-112, 1990.
- PERSSON, K.; BOTHMER, R. V. Genetic diversity among landraces of rye (*Secale cereale* L.) from northern Europe. **Hereditas**, Lund, v. 136, n. 1, p. 29-38, 2002.
- RICE, E. L. **Allelopathy**. 2. ed. New York: Academic Press, 1984. 422 p.
- SHEPHERD, K. W.; SINGH, N. K.; GUPTA, R. B.; KOEBNER, R. M. D. Quality characteristics of flour from wheat-rye translocation and recombinant lines. In: BUSHUK, W.; TKACHUK, R. (Ed.). **Gluten protein 1990**. Winnipeg: American Association of Cereal Chemists, 1992. p. 715-723.
- SINGH, R. J.; RÖBBELEN, G. Identification by giemsa technique of the translocations separating cultivated rye from three wild species of *Secale*. **Chromosoma**, Berlin, v. 59, n. 3, p. 217-225, 1977.
- STOSKOPF, N.C. **Cereal grain crops**. Virginia: Reston, 1985. 516 p.
- VAVILOV, N. I. On the origin of cultivated rye. **Bulletin Applied Botany**, Petersburg, v. 10, p. 561-590, 1917.
- ZOHARY, D.; HOPF, M. **Domestication of plants in the old world**. Oxford: Clarendon Press, 1993. 288 p.



Cevada

História e evolução

Foto: Rosa Lía Barbieri





Cevada

Eduardo Caierão

A cevada é o quarto cereal de maior importância no mundo, ficando atrás do milho, do trigo e do arroz. Sua produção está concentrada principalmente nas regiões temperadas da Europa, da Ásia e da América do Norte, mas também é cultivada em ambientes subtropicais como o Sul do Brasil, a Argentina, o Uruguai e a Austrália.

Desde sua domesticação, a cevada vem sendo alterada geneticamente, visando à adaptação a diferentes condições ambientais, sistemas de produção e usos do grão. A variabilidade genética (natural e induzida) acumulada ao longo da história tem permitido ao melhoramento o avanço necessário com vistas à manutenção da cultura na posição que ocupa no cenário mundial de produção de alimentos.

A cevada pode ser utilizada de diferentes formas, dependendo do contexto em que está inserida. Em nível mundial, mais de 90 % de sua produção é destinada à alimentação animal e somente 5 % são empregados na

produção de malte – matéria-prima para a produção de cerveja. Outros 5 % são usados como semente. No Brasil, a situação é distinta. Toda a cevada produzida é destinada às indústrias malteiras, exceto quando a qualidade do produto não atende às especificações exigidas para o fim cervejeiro, conforme portaria 691 do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (Mapa), de 1996 (BRASIL, 2006).

Sem dúvida, apesar da pequena proporção destinada ao uso cervejeiro em nível mundial, essa finalidade é a mais conhecida, principalmente pela sua aptidão qualitativa, conseqüência de um balanceamento aromático e sensorial. O mesmo malte utilizado na produção da cerveja também pode ser destinado à produção de café, quando torrado, sendo muito aceito por não possuir cafeína. Ao longo do período de melhoramento genético desse cereal, poucos esforços foram destinados à melhoria de sua qualidade nutricional, a fim de ser utilizada na alimentação humana direta.

A área cultivada com cevada no mundo já foi muito maior, principalmente na década de 1970, quando os patamares máximos de cultivo foram obtidos. Desde então, essa área tem diminuído, estabilizando-se em torno dos 50 milhões de hectares na virada do século. Existem dois fatores básicos que justificam esse comportamento. O primeiro deles diz respeito ao surgimento de híbridos de milho cada vez mais produtivos, ocupando o espaço do mercado da cevada forrageira para alimentação animal. O segundo está relacionado à comercialização restrita quando o fim considerado é o cervejeiro (LANGRIDGE; BARR, 2003). Além disso, o rendimento mundial de grãos médios tem crescido sensivelmente ao longo do tempo, conseqüência dos esforços de empresas públicas e privadas de pesquisa em diferentes países (Fig. 1).

A situação sul-americana não é muito diferente. A área cultivada na América do Sul já chegou a ser de 1,3 milhão de hectares no início da década de 1960. Depois disso, caiu sistematicamente até meados da década de 1980, quando

um crescimento gradual teve início, atingindo valores próximos a 900 mil hectares em 2005. A Argentina é a maior produtora sul-americana de cevada e detém os melhores rendimentos de grãos. Chile, Uruguai e Brasil completam o grupo de representatividade no continente. Os rendimentos médios sul-americanos são similares aos mundiais ao longo do tempo (Fig. 2).

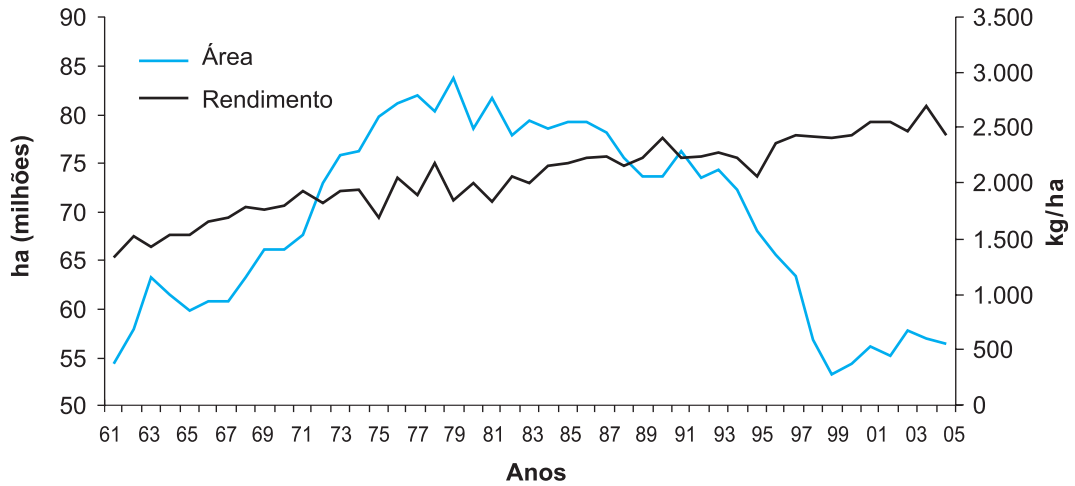


Fig. 1. Evolução da área cultivada e do rendimento de grãos de cevada no mundo, de 1961 a 2005. Fonte: FAO (2006).

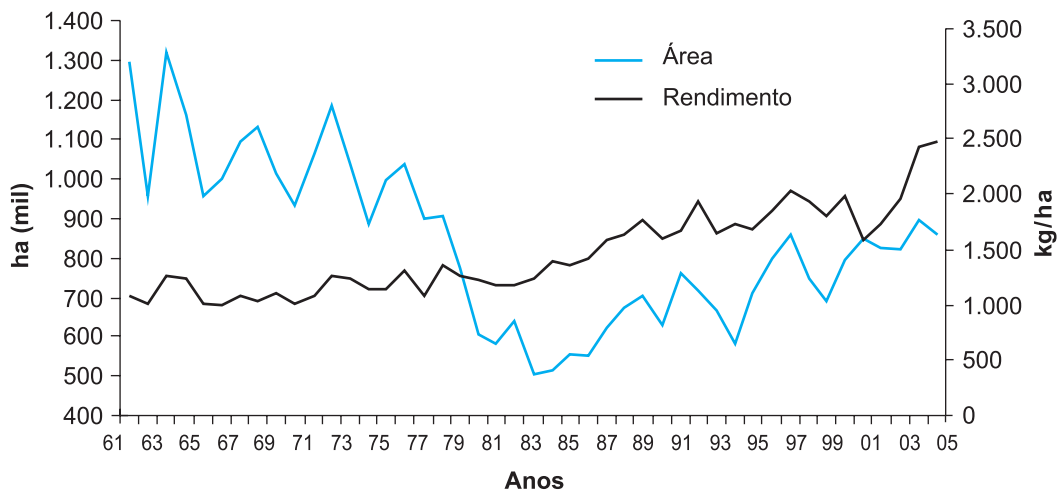


Fig. 2. Evolução da área cultivada e do rendimento de grãos de cevada na América do Sul, de 1961 a 2005. Fonte: FAO (2006).

Em relação ao Brasil, por consequência das condições climáticas instáveis nas regiões de cultivo (geadas tardias e precipitação elevada no período de colheita), tanto a área quanto o rendimento de grãos da cevada oscilam com mais intensidade de ano para ano (Fig. 3). Essa instabilidade é ainda agravada pela ausência de uma política de comercialização estável ao longo dos anos, já que, por vezes, é definida em função do custo de produção, outras vezes vinculada ao dólar e, ainda, em algumas situações, baseada no preço de outros cereais, como o trigo.

A cevada produzida no Brasil, tendo como parâmetro de referência a safra de 2005, é suficiente para abastecer somente $\frac{2}{3}$ da demanda das maltarias instaladas no País. O volume restante é importado, principalmente da Argentina e da Europa.

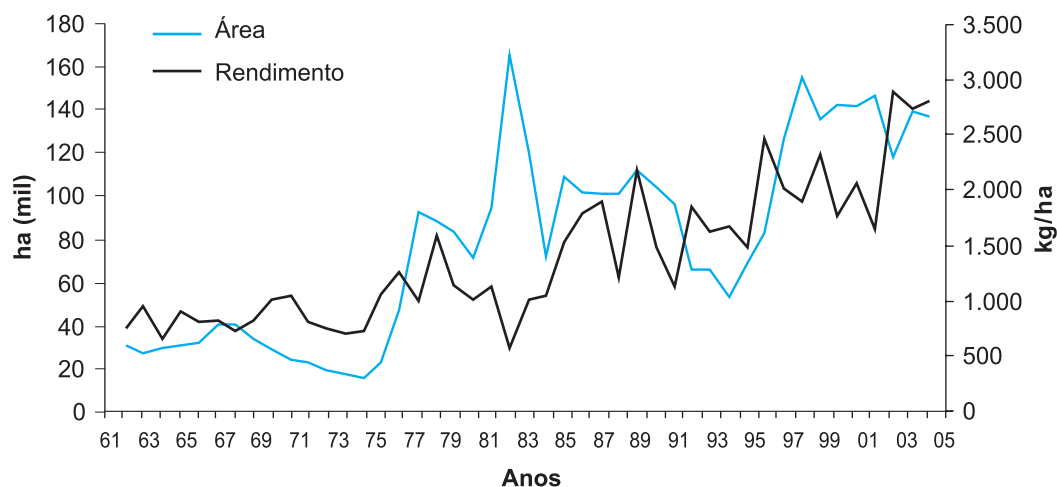


Fig. 3. Evolução da área cultivada e do rendimento de grãos de cevada no Brasil, de 1961 a 2005. Fonte: FAO (2006).

Botânica, taxonomia e citogenética

A cevada cultivada é uma planta da tribo Triticeae, pertencente à família das gramíneas e ao gênero *Hordeum*, o qual é composto por 32 espécies descritas (BOTHMER et al., 1991).

O gênero *Hordeum* se caracteriza por possuir três espiguetas uniflorais, providas de ráquila unida ao grão. A espiguetas central é sempre fértil enquanto as laterais são, usualmente, estéreis. Cada espiguetas possui estruturas de proteção, denominadas de pálea e lema. Esta última pode apresentar arista ou ser mútica.

Hordeum vulgare é a única espécie cultivada do gênero e apresenta três subespécies: *Hordeum vulgare* ssp. *vulgare* (cevadas hexásticas – seis fileiras), *Hordeum vulgare* ssp. *distichum* (cevadas dísticas – duas fileiras) e *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum* (cevadas de ráquis frágil, em geral silvestres). A espécie caracteriza-se por ser diplóide ($2n=2x=14$), e todas as subespécies são normalmente interférteis. A obtenção de tetraplóides ($2n=2x=28$) é possível via duplicação do número básico de cromossomos com colchicina; porém, em virtude dos problemas de fertilidade, nenhum interesse prático tem sido atribuído a essas formas (MOLINA-CANO, 1989).

História antiga: origem, domesticação e dispersão da cevada

Origem

Durante os últimos 50 anos, foram acumuladas inúmeras evidências de diferentes áreas de pesquisa para explicar a origem e evolução das culturas, bem como seu processo de domesticação. A cevada está entre as espécies mais estudadas sob aspectos históricos, a partir dos quais fica evidente sua importância para as diferentes civilizações em que foi cultivada na forma domesticada.

Evidências arqueológicas indicam que os primeiros sinais de cultivo (agricultura propriamente dita) datam do

período neolítico, aproximadamente 7000 a.C., e correspondem à cultura do trigo (trigo einkorn [cultivado]: *T. monococcum* – e trigo emmer [cultivado]: *T. turgidum*), da cevada duas fileiras, da ervilha e da lentilha (ZOHARY, 1973). Bar Josef e Kislev, em 1986, encontraram restos de *H. vulgare* e *H. spontaneum* datados de 8260 e 7800 a.C. Esses indicativos se referem à região do Oriente Médio, especificamente próximos ao Delta do Nilo, entre os rios Tigres e Eufrates, onde hoje se localizam Israel, Jordânia e Síria. Embora o local de origem seja quase uma unanimidade entre os pesquisadores, os ancestrais envolvidos no processo de domesticação da cevada são motivo de teorias divergentes.

O primeiro a dedicar esforços significativos ao estudo da origem das plantas cultivadas foi Alphonse De Candolle e, até hoje, seu trabalho, publicado em 1882 e reeditado em 1886, é considerado um marco no estudo da evolução das espécies. Especificamente em relação à cevada, após a análise das evidências existentes, De Candolle concluiu que existiam duas hipóteses para explicar a origem desse cereal. A primeira delas é que a cevada seis fileiras foi derivada de uma forma silvestre de duas fileiras e, a segunda, que o progenitor da cevada seis fileiras já existia previamente (DE CANDOLLE, 1959).

Vavilov, renomado pesquisador russo, foi o próximo a realizar contribuições importantes para a compreensão da origem e evolução das plantas cultivadas. Em seu primeiro trabalho, envolvendo mais de 16 mil coleções de cevada, oriundas de diferentes regiões produtoras desse cereal ao redor do mundo, as conclusões referentes ao possível centro de origem da cevada foram equivocadas. Nomeado como *Estudo da origem das plantas cultivadas* e publicado em 1926, seu trabalho apontou a Etiópia como o centro de origem da cevada, mesmo sem muita convicção (HARLAN, 1979). Mais tarde, em publicações realizadas em 1951 e 1957, o próprio autor reconsiderou suas publicações anteriores, classificando a Etiópia como um

centro secundário de origem da cevada, principalmente levando em consideração que nenhum registro de formas silvestres do cereal foi encontrado na região.

Em 1885, Körnicke e Werner propuseram que a espécie *H. spontaneum* fosse a forma antecessora das cevadas de duas e de seis fileiras. Pouco depois, em 1914, Tschermak concluiu que isso não seria possível e que, de algum modo, alguma forma de cevada seis fileiras estaria envolvida no processo de domesticação. Considerando que a tendência evolutiva das gramíneas em geral e do gênero *Hordeum*, em particular, segue em direção à redução na fertilidade das espiguetas laterais, é improvável que a forma seis fileiras tenha sido recuperada a partir de um ancestral de duas fileiras. Assim, uma das primeiras especulações foi de que a espécie *H. spontaneum* (duas fileiras) teria sido derivada de uma espécie silvestre de seis fileiras. Ao encontro dessa teoria, Elizabeth Schiemann (1932) propôs que algumas espécies silvestres desconhecidas de seis fileiras dessem origem a formas de seis fileiras e duas fileiras, tanto silvestres quanto domesticadas. Vários pesquisadores da época apoiaram essa teoria.

Em 1938, Alberg anunciou que a “possível” forma silvestre de seis fileiras, tida como provável ancestral das cevadas cultivadas, tinha sido encontrada e foi chamada de *H. agriocrithon*. A descoberta foi baseada em registros derivados de duas sementes encontradas em amostras de trigo coletadas por Harry Smith em Taofu, Tibet, em 1934. O achado científico de Alberg chamou a atenção dos cientistas com relação às cevadas do Tibet e, logo, diversas variedades botânicas dessa espécie foram descritas. Freisleben (1940) sugeriu que essa espécie teria sido uma forma primitiva de cultivo, que manteria a fragilidade da ráquis, e Alberg (1938), que ela poderia ter sido uma invasora nas lavouras da época.

A partir daquele momento, diversas teorias em relação à origem da cevada cultivada surgiram, mas a maioria delas

tinha a espécie *H. agriocrithon* como a precursora da origem de todas elas, incluindo *H. spontaneum* (HARLAN, 1979). Em 1940, Freisleben desenvolveu a teoria de que tanto *H. spontaneum* quanto *H. agriocrithon* seriam espécies silvestres. O cruzamento entre elas, a partir do cultivo nas mesmas regiões, teria originado um complexo de cevadas de seis fileiras, com diferentes formas.

Atualmente, *H. spontaneum* é reconhecida por ser a única origem de todas as cevadas cultivadas. *H. agriocrithon* teria sido originada do cruzamento ocasional de *H. spontaneum* e cevadas de seis fileiras existentes (BOTHMER, 1991; BADR et al., 2000).

Registros de cevada cultivada datando entre 6000 e 7000 a.C. foram encontrados no Irã, na Síria, na Palestina e na Turquia, o que sugere que, naquele período, a domesticação das formas silvestres já havia ocorrido (RENFREW, 1969).

Domesticação

O processo de transição entre a forma silvestre e a forma cultivada de uma espécie é denominado de domesticação, e é caracterizado por ser contínuo e progressivo, estender-se no tempo e no espaço e possuir um ponto de origem no tempo, que, em muitos casos, não é determinado com precisão, por estar situado em períodos pré-históricos.

A domesticação da cevada teve início na própria região de sua origem, precisamente entre os vales dos rios Tigre e Eufrates, na Mesopotâmia antiga, entre 7000 e 6000 a.C. (Fig. 4). Entretanto, esse processo se estendeu tendo como limite ocidental o Marrocos e oriental os altiplanos chineses, indianos e o Nepal (MOLINA-CANO, 1989). Assim, considera-se que a cevada cultivada não possui um centro específico de domesticação, mas um conjunto deles.

O surgimento das primeiras formas cultivadas de cevada foi resultado de mutações espontâneas ocorridas em três

genes independentes, situados no cromossomo 3, todos envolvidos com a característica “resistência da ráquis da espiga”. As formas mutantes recessivas dos genes Bt , Bt_2 e Bt_3 , de maneira aditiva, deram origem a plantas de cevada com espigas mais resistentes, viabilizando sua colheita e propagação. Assim, essas formas foram favorecidas no processo de seleção daqueles que cultivavam o cereal, de maneira inconsciente, mas eficaz (MOLINA-CANO, 1989). Algumas teorias referentes ao processo de domesticação da cevada não consideram essa mutação tão importante no processo evolutivo, principalmente porque, em algumas localidades, a cevada era colhida ainda verde e, posteriormente, curada (HARLAN, 1979); entretanto, segmento pouco significativo de historiadores apoia essa linha de raciocínio quanto ao processo de domesticação da cultura.

Outras duas mutações de importância significativa no processo de domesticação foram as relacionadas aos genes V (cromossomo 2) e N (cromossomo 4). A primeira delas diz respeito ao número de fileiras da espiga onde a forma recessiva (v) está ligada ao surgimento de espigas com 6 fileiras e, a segunda, à casca do grão, onde a forma recessiva (n) relaciona-se ao grão nudo.

Dispersão

A história da cevada, como cultura propriamente dita, teve início no Oriente Médio, em regiões áridas, como a Mesopotâmia e o Egito, principalmente em virtude da salinização desses solos e da conseqüente redução significativa na produção de trigo, cultura mais sensível que a cevada em relação a essas condições. Nesse contexto, a cevada passava a ser a principal cultura da época e, ao redor de 1800 a.C., já havia uma monocultura desse cereal. Não se sabe o porquê, mas registros indicam que o rendimento das lavouras caiu bruscamente ao longo do tempo (JACOBSEN; ADAMS, 1958). Na época, a cevada era conhecida como um alimento forte, relacionado a

guerreiros e vitoriosos. Os gladiadores da época eram chamados de “hordearii” ou “homens-cevada”, pois utilizavam o cereal na sua alimentação (HARLAN, 1979).

De acordo com evidências arqueológicas, a cevada chegou à Espanha no quinto milênio antes de Cristo e, um pouco mais tarde, na região do Reno. Sua dispersão ocorreu para o leste, chegando à Índia no final daquele milênio e à China em meados do segundo milênio. Simultaneamente, a cevada também foi levada para a Etiópia, onde passou a ser uma das culturas dominantes (Fig. 4).

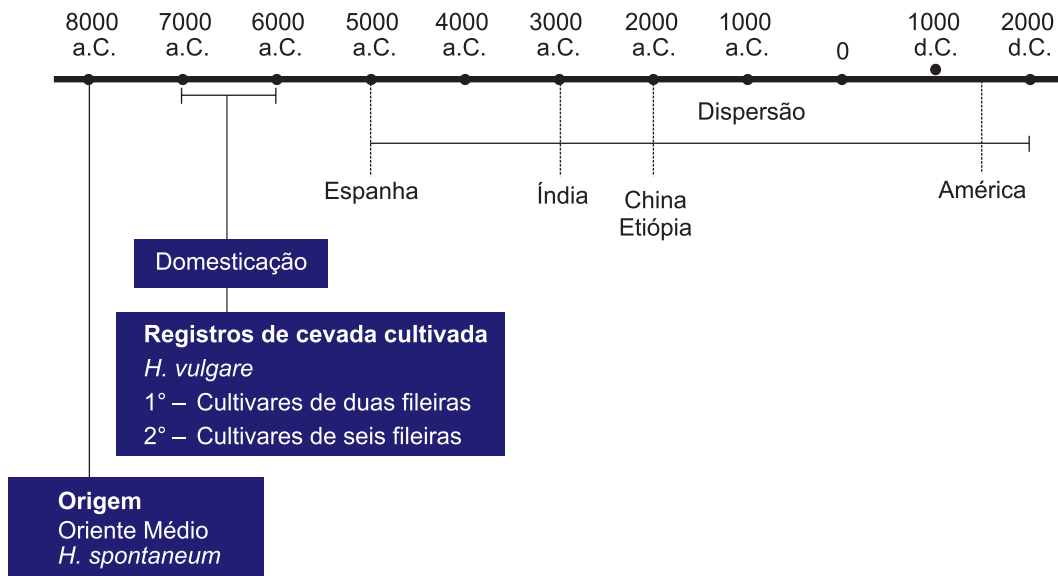


Fig. 4. Cronologia da origem, domesticação e dispersão da cevada cultivada (*Hordeum vulgare*).

História recente

O descobrimento da América também marcou a introdução da cevada no continente americano. Os registros existentes indicam que o cereal foi trazido na segunda expedição de Cristóvão Colombo, em janeiro de 1494. Entretanto, existem vários indícios de que, já na primeira expedição, ele trazia consigo sementes de cevada. Dando seguimento à sua viagem exploratória, em 1492, marco

histórico para a América, Colombo continuou sua missão com o objetivo de descobrir novas ilhas. Exatamente no dia de Natal desse ano, seu veleiro, Santa Maria, naufragou ao norte do Haiti, fazendo que parte significativa da sua tripulação fosse deixada no local, e o restante retornasse para a Espanha em outras embarcações. Antes de partir, entretanto, Colombo construiu uma base no local, a qual chamou de La Navidad. A narrativa do livro de Morison (1942) caracteriza o ocorrido:

Navidad Fort was built largely of Santa Maria's planks, timbers, and fastenings, and provided a "great cellar" for storage of wine, biscuits, and other stores salvaged from the flagship. Seeds for sowing crops and a supply of trading truck to barter for gold were also left. (O forte de Navidad foi construído basicamente de vigas de "Santa Maria", tábuas e amarras, servindo como um grande armazém para armazenamento de vinho, biscoitos e outros materiais recuperados da captania. Sementes para a semeadura das culturas e um suprimento de mercadorias, a fim de negociar com o ouro ali deixado.)

Esse relato não identifica quais as sementes que foram deixadas, mas é muito provável que a cevada estivesse entre elas.

O registro da segunda viagem de Colombo à América é definitivo com relação à introdução da cevada e do trigo. Saindo da Espanha e dirigindo-se diretamente a La Navidad, onde havia deixado uma colônia com suprimentos, encontrou-a totalmente destruída e, por consequência, procurou um outro local, não longe de Navidad, chamado de Isabella, nomenclatura dada em homenagem à rainha da Espanha. Em janeiro de 1494, a nova colônia foi estabelecida e Colombo enviou sua frota para a Europa em busca de mais suprimentos e, junto com ela, uma carta ao rei e rainha, que é o único registro da segunda expedição ao Novo Mundo. Parte da transcrição feita por Thacher (1903) faz referência direta à cevada:

Consequently, for the preservation of health, after God, it is necessary that these people be provided with the provisions to which they are accustomed in Spain, because

neither they, nor others who may come anew, will be able to serve her Highness if they are not well: and this provision must continue until a supply is accumulated here from what shall be sowed and planted here. I say wheat and barley, and vines... (Conseqüentemente, para a preservação da saúde, depois de Deus, é necessário que estas pessoas sejam munidas com os suprimentos com os quais estavam habituados na Espanha, porque nenhuma delas, nem outras que possam vir, estarão em condições de servir Sua Alteza se não estiverem bem; este suprimento deve continuar até que um estoque seja acumulado aqui, com culturas já produzidas no local. Eu diria trigo, cevada e parreiras...)

Essa narrativa define, portanto, o primeiro registro de introdução de cevada na América.

Por estar localizada próxima aos trópicos, Isabella não apresentava as condições climáticas favoráveis ao desenvolvimento da cultura da cevada e, portanto, a cultura não se desenvolveu nessa região.

A cevada na América do Norte

Registros históricos fazem referência a duas rotas de entrada desse cereal no continente norte-americano, sendo uma na costa nordeste dos Estados Unidos, ao sul do atual Estado de Massachusetts, e a outra na costa sudoeste, na divisa entre os Estados Unidos e o México. A rota atlântica de entrada foi estabelecida em 1602 e 1611, respectivamente por Gosnold e colonizadores da Companhia Inglesa (HARLAN et al., 1925), enquanto a rota oeste foi estabelecida no início do século 17, via missões espanholas à América. Hendry (1931) encontrou sementes de cevada em muitos tijolos utilizados nas construções dos primeiros estabelecimentos dos missionários espanhóis. Entre as quais a mais antiga data de 1701, no sul do atual Estado do Arizona, na missão denominada de San Cayetano del

Tumacacori. O estabelecimento original dos espanhóis foi em regiões áridas, adequadas ao cultivo das cevadas na Espanha que, por sua vez, eram de origem norte-africana. Dessa forma, a cevada teve um estabelecimento apropriado nas regiões de clima semelhante, principalmente no México e nos estados americanos do Arizona e da Califórnia (WIEBE, 1979).

Com a chegada dos ingleses à América, foram introduzidas cevadas de ciclo mais longo, de duas fileiras, comuns na Inglaterra, tais como Chevalier e Thorpe. Essas cultivares eram mais adaptadas a regiões frias e de baixa umidade. Dessa forma, como as condições costeiras do Atlântico, principalmente, não eram adequadas, o cereal foi, gradativamente, deslocado para regiões continentais, em direção ao oeste, consolidando-se no meio-oeste americano (WIEBE, 1979).

A cevada na América do Sul

Relatos da época não definem com precisão a data inicial do cultivo desse cereal na América do Sul, mas é provável que tenha sido no momento da fundação do Forte Sancti Spiritus, na atual província de Buenos Aires (Argentina), pelo italiano Sebastián Gaboto, junto com o primeiro registro de semeadura de trigo no território argentino, em 1527 (TOMASSO, 1993). Isso leva a crer que foi introduzida junto com sementes de trigo, por causa da dificuldade na separação desses grãos.

Depois da conquista do Peru, em 1531, os cultivos de trigo e de cevada eram muito conhecidos na América. A cevada se expandiu pelos Andes, substituindo o “trigo” dos incas: *Amaranthus* e quinoa (ÁRIAS, 1995).

Em 1556, sua utilização já era muito comum no Chile, onde havia, até mesmo, um decreto de preço máximo de venda a ser cobrado pelo grão, no Município de Santiago do Chile (ÁRIAS, 1995).

Em 1584, Frei Cardim relata o primeiro cultivo de cevada em território brasileiro, no atual Estado de São Paulo (ÁRIAS, 1995). Nesse mesmo período, o frei Vicente de Salvador faz referências à extensão da cultura para regiões mais ao sul, principalmente em virtude das temperaturas mais amenas e da maior umidade.

Depois desses primeiros cultivos na América, cada novo grupo de imigrantes do continente europeu, principalmente alemães e italianos, trouxe suas próprias sementes de cevada. Com isso, ocorreu naturalmente a ampliação da variabilidade genética do cereal, tanto por cruzamentos naturais e mutações quanto por seleção natural. Na Argentina, no Chile, no Brasil e, especialmente, nos países andinos consolidaram-se populações locais de trigo e cevada (ÁRIAS, 1995).

No Rio Grande do Sul, a cultura foi referida como estabelecida por Hildebrand somente no ano de 1854, em colônias alemãs, principalmente por causa da sua maior resistência à ferrugem, em comparação com a cultura do trigo.

O início dos trabalhos de melhoramento genético na América do Sul ocorreu no Uruguai, em 1912, e foi realizado por Alberto Boerger e Enrique Klein com a seleção de linhas puras de cevada resistentes à ferrugem-da-folha, a partir de populações conduzidas pelos colonos da época. Pouco mais tarde, com base no mesmo princípio, iniciou-se o melhoramento da cevada na Argentina e no Brasil (ÁRIAS, 1995).

Recursos genéticos no gênero *Hordeum*

Os resultados de um programa de melhoramento dependem, em primeira instância, da variabilidade existente no germoplasma disponível para a elaboração dos cruzamentos. Essa importância foi reconhecida pela primeira vez em 1893, quando uma unidade de coleta e

manutenção do germoplasma de cereais – denominada USDA Seed and Plant Introduction Section (THE NATIONAL..., 1971) – foi estabelecida nos Estados Unidos. A preservação do germoplasma de cevada, especificamente, teve início em Washington, DC, a partir da introdução de quatro acessos em 1894 e de 11 em 1895. A coleção desse cereal logo aumentou a partir de introduções da Rússia e da França, respectivamente, em viagens realizadas pelo curador, em 1898 e 1900.

Organizações internacionais passaram a atuar ativamente na manutenção dos recursos genéticos quando a FAO (Food and Agricultural Organization) organizou um encontro sobre o tema em 1961 (HARLAN et al., 1925). Pouco depois, em 1974, o CGIAR (Consultative Group of International Agriculture Research) estabeleceu o IBPGR (International Board for Plant Genetic Resources) como uma organização científica internacional autônoma para promover trabalhos em rede, tais como coleta, conservação, documentação e avaliação do germoplasma de diferentes culturas (BARLEY, 1982). Em 1981, foi firmado um convênio entre o IBPGR e um grupo de trabalho para revisar as coleções existentes de cevada, identificar àquelas consideradas prioridade e discutir a distribuição do germoplasma para os diferentes programas do mundo.

Entre as principais coleções de cevada existentes mundialmente, cinco delas têm importância fundamental na preservação do germoplasma desse cereal:

- a) National Seed Storage Laboratory: localizado nos Estados Unidos, na Universidade do Estado do Colorado, em Fort Collins.
- b) Canadian Barley Collection Plant Gene Resources of Canada (PGRC): localizado no Canadá, na estação de pesquisa de Ottawa.
- c) National Institute of Agricultural Sciences (NIAS): localizado no Japão, em Tsukuba-gun.

d) Plant Genetic Resources Center: localizado na Etiópia, em Addis Ababa.

e) Nordic Gene Bank: localizado na Suécia, em Lund.

Outros centros de preservação dos recursos genéticos de cevada estão estabelecidos na Austrália (New South Wales Department of Agriculture), no Brasil (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia), na Bulgária (Institute of Introduction of Plant Genetic Resources – IIPGR), na Hungria (Research Center of Agrobotany), na Índia (Indian Agricultural Research Institute – IARI) e na Itália (Istituto del Germoplasma del CRN).

As diferentes espécies do gênero *Hordeum* podem ser agrupadas em três categorias, conforme o grau de relação com a cevada domesticada (BOTHMER et al., 1991). O pool gênico primário, composto por espécies altamente relacionadas com *H. vulgare*, que apresentam pequenas barreiras biológicas para a transferência genética, é composto por *landraces* de diferentes regiões ecogeográficas ao redor do mundo. A espécie *H. spontaneum* pertence a esse grupo. A maior dificuldade enfrentada pelos melhoristas, ao utilizar essa espécie com fonte de genes de resistência a doenças em cruzamentos (LEHMANN; BOTHMER, 1988), são as características indesejáveis, tais como debulha natural, grãos enrugados e variação com relação aos requerimentos de vernalização (dormência).

O pool gênico secundário, formado por todas as demais espécies selvagens do gênero, apresenta capacidade combinatória razoável com as espécies cultivadas, com a ocorrência de alguns fatores indutores de infertilidade. Como representante desse grupo, destaca-se a espécie *H. bulbosum*, nativa da região do Mediterrâneo e também muito utilizada em programas de melhoramento, principalmente por causa da presença de genes de resistência ao oídio – *Erysiphe graminis* f.sp. *hordei* (XU; SNAPE, 1989).

Todas as demais espécies do gênero pertencem ao pool terciário. Híbridos interespecíficos, desenvolvidos pelo cruzamento dessas espécies com as formas cultivadas, são inviáveis se não houver resgate de embrião, o que dificulta seu uso em maior escala nos programas de melhoramento. Até então, em virtude da alta incompatibilidade, esse grupo não foi muito aproveitado na cultura da cevada, mesmo que tenha valor significativo, quando consideradas as técnicas de transformação gênica.

A diversidade na forma e na coloração dos grãos de cevada é grande, embora muito aquém do milho, por exemplo. Normalmente, as cevadas cultivadas apresentam casca amarelo-clara, podendo ser encontradas também com casca marrom-escura e preta. A variabilidade no fenótipo do grão está associada diretamente ao tipo da cevada, ou seja, seu uso, e é encontrada em maior intensidade na África e na Ásia, especialmente na Etiópia e no Tibet.

Melhoramento genético de cevada

As primeiras pesquisas e ensaios de cevada no Brasil foram realizados em 1920, pelo agrônomo austríaco Carlos Gayer, juntamente com os experimentos de trigo, na Estação Experimental de Alfredo Chaves, em Veranópolis. A Cervejaria Continental (atual Companhia Brasileira de Bebidas – AmBev) instalou o primeiro campo experimental de cevada do Brasil, em 1941, no Município de Gramado, RS. Em 1950, a Companhia Antártica Paulista contratou a renomada empresa sueca Weibull, produtora de cultivares melhoradas, para que obtivesse linhas de cevada cervejeira adaptadas às condições do Sul do Brasil. A empresa iniciou seus trabalhos em Carazinho e, durante 20 anos, introduziu materiais segregantes de seu programa da Europa para a estação experimental local. Como diversas cultivares suecas apresentavam resistência à acidez tóxica do solo, e considerando-se que esse era um dos problemas do Sul do Brasil, bons resultados foram obtidos nesse

estágio do programa, com o lançamento de cultivares adaptadas. Um pouco mais tarde, a Companhia Cervejaria Brahma, que já havia adquirido a Cervejaria Continental, associou-se à Weibull para ampliar as pesquisas com o cereal. Nessa etapa, o professor Cláudio Barbosa Torres, então gerente de fomento e pesquisa dessa companhia, transferiu a estação experimental de cevada, de Gramado para Encruzilhada do Sul, RS, objetivando a manutenção da seleção quanto à acidez nociva do solo. De 1968 até 1994, a estação foi dirigida pelo engenheiro agrônomo Arlindo Göcks, e progressos significativos foram alcançados quanto à adaptação das linhagens e quanto à qualidade malteira. Ainda nesse período, precisamente em 1970, por consequência da redução da produção de cevada no País e desestímulo da pesquisa, a Weibull do Brasil encerrou suas atividades e distribuiu todo o germoplasma para as companhias cervejeiras. Assim, iniciou o programa de melhoramento da Companhia Antártica Paulista, no Município de Papanduva, SC, que foi logo transferido para Paulo Frontin, PR, em 1975.

A elevação dos preços no mercado internacional, em 1973, reativou a produção e, conseqüentemente, a pesquisa de cevada. Com isso, já em 1974, a International Plant Breeders (IPB) iniciou seu programa de melhoramento no País. A partir de 1977, a Embrapa (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária), por intermédio de seu Centro Nacional de Pesquisa de Trigo (CNPT), localizado em Passo Fundo, também iniciou trabalhos de melhoramento de cevada, fruto de uma das diretrizes do PLANACEM (Plano Nacional de Auto-Suficiência de Cevada e Malte), implantado pelo governo federal em 1976. Entre outras atividades, o centro foi incumbido de executar e coordenar pesquisas, diversificando e ampliando as da iniciativa privada (MINELLA, 1999). Assim, surgiu o programa de melhoramento de cevada da Embrapa, que, já na década de 1980, racionalizava os esforços das pesquisas públicas

e privadas. Dessa integração, surgiu a rede experimental utilizada para recomendação de cultivares que foi praticada até 2002, quando entrou em vigor a Lei de Proteção de Cultivares. Os anos de 1980 registraram ainda o início das atividades de melhoramento de cevada do Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR) e, na Embrapa Cerrados, a intensificação da experimentação varietal na Cooperativa Agrária Entre Rios Ltda. e o encerramento das atividades do International Plant Breeders (IPB) (MINELLA, 1999).

Em 1994, as empresas Companhia Cervejaria Brahma, Companhia Antártica Paulista, Cervejarias Kaiser e Embrapa estabeleceram um convênio de apoio mútuo de pesquisa, oficializando muitas das atividades até então desenvolvidas. Desde então, o convênio está em vigor, mesmo com alterações nos membros participantes. Sem dúvida, poucas culturas possuem, de maneira organizada, esse tipo de cooperação mútua em prol de seu desenvolvimento.

Em 1995, o programa de melhoramento da Companhia Antártica Paulista foi transferido para o Município de Lapa, PR. Com a fusão das companhias cervejeiras (Antártica Paulista e Cervejaria Brahma) em 2000, originando a AmBev, os programas de melhoramento desse cereal no Brasil foram reunidos, embora com a manutenção de dois locais de seleção. Em 2002, a estação da Lapa foi fechada e a de Encruzilhada do Sul transferida para Passo Fundo, também no Rio Grande do Sul, onde se mantém até hoje. O principal objetivo desta última mudança foi a distância da estação da principal região produtora de cevada no estado, localizada no planalto gaúcho e, também, a busca por condições de ambiente favoráveis à ocorrência de oídio e de outras doenças, para auxiliar no processo de seleção por linhagens resistentes.

Desde o início dos trabalhos de melhoramento no Brasil, já foram registradas para cultivo 30 cultivares de cevada, das quais 16 da Embrapa, 10 da AmBev (Antártica + Brahma) e 4 de outras instituições. Somente quatro

cultivares estão protegidas: BRS 195, BRS 224, BRS 225 e BRS Borema.

A primeira estratégia de melhoramento da cevada utilizada no País foi a introdução de germoplasma, principalmente da Europa e América do Norte. Cultivares como Volla, da Alemanha, e Alpha, dos Estados Unidos, foram os primeiros materiais a serem cultivados no País. Logo após, a partir da seleção de linhas puras dentro de populações heterogêneas introduzidas, iniciou o segundo ciclo de lançamentos, onde tiveram origem as cultivares Antártica 1 e FM 404, por exemplo. Somente com a hibridação artificial (cruzamento) é que melhores resultados foram obtidos no País (MINELLA, 1999). Nesse contexto, foram geradas as cultivares BR 2, MN 698, BRS 195 e MN 716.

Atualmente, vários métodos de melhoramento têm sido utilizados pelos programas nacionais de pesquisa de cevada, dependendo da disponibilidade de recursos, de mão-de-obra e de objetivos específicos. O principal deles é o genealógico, seguido dos métodos massal, populacional e SSD (Single Seed Descend). Além disso, o uso de retrocruzamentos para recuperação de características desejáveis, após a introgressão de algum gene de interesse de uma cultivar com características indesejáveis, tem sido muito utilizado. Recentemente, o programa da Embrapa tem utilizado a técnica de duplo-haplóides, visando à redução do tempo de obtenção de uma linhagem. Bons resultados têm sido obtidos a esse respeito.

De maneira geral, o processo de lançamento de uma cultivar de cevada é complexo em relação a outros cereais. Isso acontece porque, além das etapas normais de melhoramento, as linhagens promissoras são submetidas a avaliações, em escala piloto, da qualidade do malte e da aptidão organoléptica e sensorial para a produção de cerveja, avaliações rigorosas indispensáveis para a aceitação da cultivar pela indústria (Fig. 5).

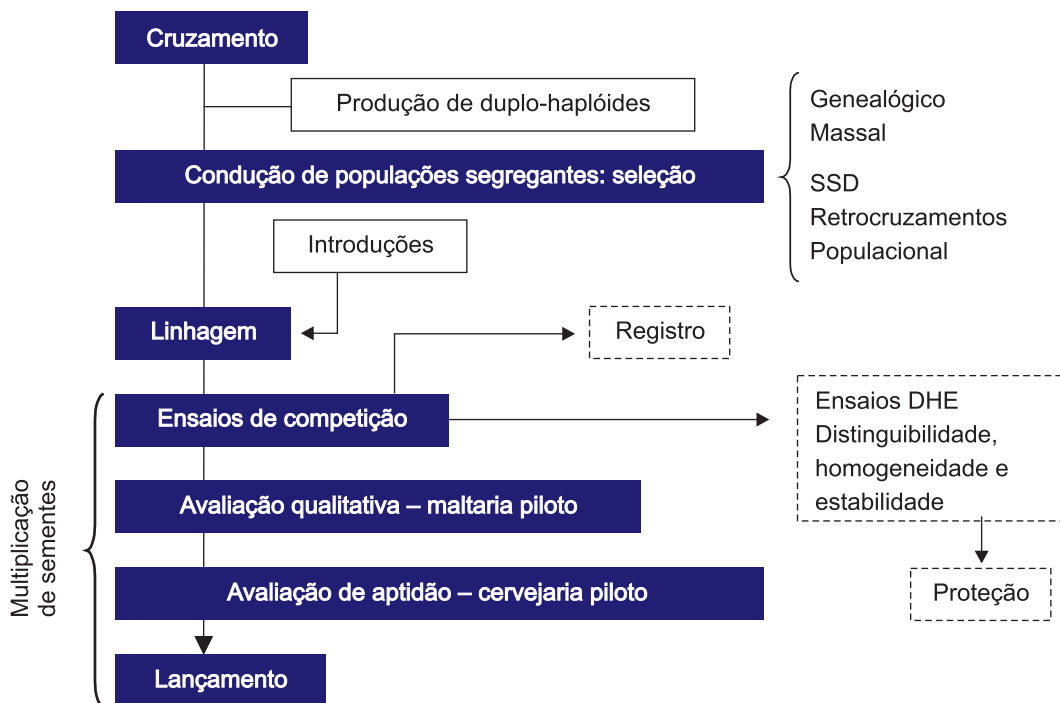


Fig. 5. Fluxograma das etapas básicas desenvolvidas pelos programas de melhoramento genético de cevada no Brasil, para o lançamento de uma cultivar.

Atualmente, os principais desafios do melhoramento de cevada no Brasil são:

Em nível agrônômico

- a) Elevado potencial de rendimento de grãos.
- b) Baixa estatura de planta.
- c) Resistência ao acamamento.
- d) Resistência às principais doenças: mancha-em-rede, mancha-marrom e oídio.
- e) Resistência ao Vírus do Nanismo Amarelo da Cevada (VNAC).

Em nível qualitativo

- a) Proporção de grãos acima de 2,5 mm superior a 90 %.
- b) Teor de proteína entre 10,5 e 12,5.

- c) Alta atividade enzimática.
- d) Rendimento de extrato superior a 80,5 %.
- e) Baixo teor de betaglucanas.

As principais contribuições dos programas de melhoramento de cevada no Brasil para a cadeia produtiva desse cereal, como fonte de germoplasma nacional e internacional, foram:

- BR 2 – Estabilidade de produção e resistência à mancha-em-rede (*Dreschlera teres*).
- MN 698 – Elevado percentual de grãos superiores a 2,5 mm (classificação comercial – critério de remuneração do produtor) e excelente desempenho qualitativo em nível malteiro.
- BRS 195 – Excelente tipo de planta, alto afilamento e elevado potencial de rendimento de grãos.

Referências

- ALBERG, E. *Hordeum agriocrithon*: nova sp., a wild six-rowed barley. **Annual Royal Agriculture Collection**, New York, v. 6, p. 159-216, 1938.
- ÁRIAS, G. **Mejoramiento genético y producción de cebada cervecera en América del Sur**. Roma: FAO, 1995. 157 p.
- BARLEY descriptors: ad hoc working group on barley genetic resources. Rome: IBPGR, 1982. 82 p.
- BADR, A.; MULLER, K.; SCHAFFER-PREGL, R.; EL RABEV, H.; EFFGEN, S.; IBRAHIM, H. H.; POZZI, C.; ROHDE, W.; SALAMINI, F. On the origin and domestication history of Barley (*Hordeum vulgare*). **Molecular Biology Evolution**, Chicago, v. 17, n. 4, p. 499-510, 2000.
- BOTHMER, R. von; JACOBSEN, N.; BADEN, C. **An ecogeographical study of the genus hordeum**: systematic and ecogeographical studies on crop gene pools. Rome: IBPGR, 1991. 127 p.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **SISLEGIS** - Sistema de Legislação Agrícola Federal. Portaria nº 691, de 22 de novembro de 1996. Disponível em: <<http://extranet.agricultura.gov.br/sislegis-consulta>>. Acesso em: 5 maio 2006.
- DE CANDOLLE, A. **Origin of cultivated plants**. 2. ed. New York: Noble, 1959. 468 p.
- FREISLEBEN, R. Die phylogenetische bedeutung asiatischer gersten. **Züchter**, Berlin, v. 12, p. 257-272, 1940.
- HARLAN, H. V.; MARTINI, M. L.; POPE, M. N. **Tests of barley varieties in America**. New York: Department of Agriculture, 1925. 219 p.

- HARLAN, J. R. On the origin of barley. In: ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **Barley: origin, botany, culture, winter hardiness, genetics, utilization, pests.** Washington, 1979. p. 10-36.
- HENDRY, G. W. The adobe brick as a historical source. **Agriculture History**, Pequim, v. 5, p. 110-127, 1931.
- JACOBSEN, T.; ADAMS, R. M. Salt and silt in ancient Mesopotamian agriculture. **Science**, Washington, v. 128, p. 1.251-1.258, 1958.
- KÖRNICKE, F.; WERNER, H. **Handbuch des Getreidebaues.** Berlin: Parey, 1885. 1.009 p.
- LANGRIDGE, P.; BARR, A. R. Barley. **Australian Journal of Agricultural Research**, Sydney, v. 54, p. 1-4, 2003.
- LEHMANN, L.; BOTHMER, R. von. *Hordeum spontaneum* and land races as a gene resource for barleys. In: CONFERENCE OF THE CEREAL SECTION OF EUCARPIA, 1988, Wageningen, Netherlands. **Cereal breeding related to integrated cereal production: proceedings.** Wageningen: Pudoc, 1988. p. 190-194.
- MINELLA, E. Melhoramento da cevada. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa: UFV, 1999. 817 p.
- MOLINA-CANO, J. L. **La cebada.** Lerida: Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries, 1989. 252 p.
- MORISON, S. E. **Admiral of the ocean sea.** Boston: Little, Brown, 1942. v. 1. 102 p.
- THE NATIONAL program for conservation of crop germplasm. Athens: University of Georgia, 1971. 62 p.
- RENFREW, J. M. The archeological evidence for the domestication of plants: methods and problems. In: UCKO, P. J.; DIMBLEBY, G. W. (Ed.). **The domestication and exploitation of plants and animals.** Chicago: Aldine, 1969. p. 149-172.
- THACHER, J. B. **Christopher Columbus: his life, his work, his remains.** New York: G. P. Putnam's Sons, 1903. v. 1. 402 p.
- TOMASSO, J. C. La cevada en la Argentina. In: REUNIÓN DE ESPECIALISTAS NACIONALES EN AVENA, CEBADA Y TRITICALE DEL CONO SUR, 2., 1988, Passo Fundo. **Trabajos...** Montevideo: IICA-PROCISUR, 1993. p. 25-43. (IICA-PROCISUR. Dialogo, 37).
- TSCHERMAK, E. von. Die verwertung der bastardierung für phylogenetische fragen in der getreidegruppen. **Ztscher Pflanzenzücht**, Berlin, v. 2, p. 291-312, 1914.
- WIEBE, G. A. Introduction of barley into the new world. In: ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **Barley: origin, botany, culture, winter hardiness, genetics, utilization, pests.** Washington, 1979. p. 2-9. (USDA. Agriculture Handbook, 338).
- XU, J.; SNAPE, J. W. The cytology of hybrids between *Hordeum vulgare* and *H. bulbosum* revisited. **Genome**, Ottawa, v. 30, p. 486-494, 1989.
- ZOHARY, D. The origin of cultivated cereals and pulses in the Near East. **Chromosomes Today**, New York, v. 4, p. 307-320, 1973.



Citros

Espécies ou híbridos?

Foto: Valder Valeirão





Citros

Ana Lúcia Cunha Dornelles

As frutas cítricas estão entre as espécies frutíferas mais cultivadas no mundo. De acordo com os dados da FAO (FAOT, 2006), em 2005, foram produzidas 105,4 milhões de toneladas de citros (laranjas, tangerinas, limões, limas, pomelos e toranjas, além de outras espécies de importância localizada). Esses dados são apenas comparáveis aos da produção de bananas, incluindo as bananas amiláceas (*plantains*), superando as produções de maçãs e uvas. Provavelmente uma das vantagens dessas espécies seja sua grande dispersão ao redor do mundo, já que praticamente todos os países tropicais e subtropicais (entre as latitudes 40°N e S) produzem citros (WEBBER et al., 1967, DAVIES; ALBRIGO, 1994, HERRERO et al., 1996a). Entre os citros, as laranjas doces – *Citrus sinensis* (L.) Osbeck. – são as variedades mais cultivadas, tanto para a indústria como para o consumo in natura, seguidas pelas tangerinas – *C. reticulata* Blanco e *C. deliciosa* Tenore, principalmente –, limões e limas ácidas e doces – *C. limon* Burm e *C. aurantifolia* Christm. –, pomelos – *C. paradisi* Macf. – e

toranjas – *C. maxima* (Merr., Burm. f.) –, além de outros citros cultivados com diversos propósitos, cuja importância é apenas regional.

Mais do que o valor comercial que possuem como frutos comestíveis, o responsável pela introdução e difusão das frutas cítricas no mundo ocidental antigo foi o seu uso medicinal, considerando o fato de que a primeira espécie cítrica a ser introduzida na Europa foi a cidra (*C. medica* L.), provavelmente na Grécia, em decorrência da invasão da Pérsia por Alexandre (Ramon-Laca, 2003, citando manuscritos de Theophrastus escritos provavelmente ao redor de 310 a.C. na Babilônia). Além dessas aplicações, os óleos essenciais extraídos das cascas, principalmente de tangerinas, desde a China antiga, e, posteriormente, de limões e de híbridos de laranja azeda (chamados de bergamota¹ pelos italianos) demonstram a importância dos citros na indústria de cosméticos desde a Antiguidade (DAVIES; ALBRIGO, 1994).

A partir de 1948, com o desenvolvimento da tecnologia para produção de suco de laranja concentrado congelado, o uso industrial dos citros teve um grande incremento, segundo Davies e Albrigo (1994). Esse fato transformou o suco de laranja em um produto altamente consumido, inicialmente, nos Estados Unidos e, posteriormente, em outros países europeus e asiáticos (Japão, principalmente), onde os citros não são cultivados extensivamente.

São considerados citros os 13 gêneros (cerca de 65 espécies) pertencentes à subtribo Citrinae, tribo Citrae, subfamília Aurantioideae, da família Rutaceae, de acordo com a classificação proposta por Swingle e Reece (1967). Os citros cultivados pertencem a três gêneros: *Citrus*, *Fortunella* e *Poncirus*, os quais, juntamente com os gêneros *Eremocitrus*, *Microcitrus* e *Clymenia*, foram agrupados por esses mesmos autores como citros verdadeiros. As espécies dessa

¹ Embora este termo também seja usado no Rio Grande do Sul para designar tangerinas, na Itália se refere a frutos da espécie *C. bergamia*, não comestível.

subtribo, segundo esses autores, possuem como característica diferencial, considerada de grande importância taxonômica, a presença de vesículas de suco ou de polpa, as quais consistem em estruturas que se desenvolvem na cavidade locular, a partir das paredes do lóculo, em sacos preenchidos com numerosas células grandes, cheias de suco. Essas vesículas não são observadas em outras espécies da família Rutaceae ou famílias relacionadas. Nas espécies do grupo dos citros verdadeiros, essas vesículas de suco são mais ou menos fusiformes e ocupam todo o espaço dos segmentos dos frutos (gomos) não ocupados por sementes.

Quanto a outras características dos frutos, existe uma grande variabilidade, mesmo levando em conta apenas os gêneros, nos quais se encontram os citros de importância comercial. Existem frutos que variam desde aproximadamente 1 cm de diâmetro (*Fortunella* spp.) até 30 cm, observados em espécies como *C. medica* (cidra) e *C. maxima* (toranja). São encontrados também frutos de polpa variando do verde-amarelado, da lima (*C. aurantifolia*), ao laranja-avermelhado, de algumas tangerinas (*C. reticulata*), ou mesmo vermelho-sangüíneo, de algumas laranjas (*C. sinensis*) e pomelos (*C. paradisi*). Quanto ao formato, são observados frutos achatados, redondos e até piriformes. No que se refere ao sabor, existem frutos extremamente ácidos ou amargos (a ponto de não serem comestíveis), e até mesmo variedades praticamente sem acidez (IWAMASA; NITO, 1988). Segundo Mabberley (1997), essa importante distinção de sabores, do ponto de vista comercial, reside na presença e nas proporções relativas dos dois estereoisômeros do limoneno, um deles ácido ou amargo, como no limão (*C. limon*), e o outro doce, como na tangerina (*C. reticulata*).

Porém, do ponto de vista citogenético, existe uma grande estabilidade, não apenas entre os citros verdadeiros, mas em toda a subfamília Aurantioideae. O tamanho do genoma das espécies é considerado pequeno. Apresentam 18

cromossomos ($2n=18$), dos quais cada cromossomo mitótico mede de 1 μm a 4 μm . A diploidia é a regra geral, com pouquíssimos poliplóides observados na forma silvestre (IWAMASA; NITO, 1988; GUERRA, 1993; HERRERO et al., 1996a).

Talvez pelo fato de seu cultivo ser muito remoto, e de as espécies silvestres ancestrais da maioria das espécies comercialmente importantes não serem definitivamente conhecidas, o centro de origem dos citros não está bem definido. De uma forma abrangente, as várias espécies dos gêneros dos citros verdadeiros se distribuem ao longo de uma extensa área que vai do nordeste da Índia, em direção às Filipinas e do centro-norte chinês (Himalaias), ao sul, em direção à Indonésia ou à Austrália (Nova Caledônia) (SWINGLE; REECE, 1967; WEBBER et al., 1967; DAVIES; ALBRIGO, 1994). De um ponto de vista mais localizado, o centro de origem dos citros foi definido por Tanaka, de acordo com Gmitter e Hu (1990), e enfatizado por Sharma et al. (2004) como a região nordeste da Índia e o norte de Burma, de onde as espécies atuais se dispersaram pela China em direção ao sul, chegando à Indochina, à Malásia, às Índias Orientais e ao nordeste da Ásia e do Japão. Porém, várias evidências sugerem a importância da região de Yunnan, localizada no centro-sul chinês (considerado sudeste asiático), como integrante do centro de origem dos *Citrus*. Essa região possui uma diversidade de espécies de *Citrus* (subgêneros *Citrus* e *Papeda*) típica de centros de origem, como a variação intra-específica tanto em espécies silvestres como cultivadas. Isso representa uma porção substancial do conjunto gênico desse gênero, associado a um eficiente sistema de mecanismos naturais de dispersão natural, como os rios; o que caracteriza essa região como um ponto de ligação entre as regiões de diversificação e de evolução de citros, Indo-Burma e China central, e Japão, incluindo a Coreia (WEN-CAI et al., 1988; GMITTER; HU, 1990; JUNG et al. 2005).

Como acontece com diversas espécies cultivadas, a classificação botânica dos citros, de uma forma ampla da subfamília Aurantoideae, da família Rutaceae, é bastante

complexa e controversa. Os sistemas de Hooker, de 1875, e de Engler, de 1896, de acordo com Davies e Albrigo (1994), são sistemas artificiais baseados unicamente em características morfológicas e na origem provável das espécies estudadas.

Em 1948, Swingle desenvolveu um sistema taxonômico que vem sendo amplamente utilizado, principalmente por ter sido desenvolvido a partir de um ponto de vista prático e funcional (DAVIES; ALBRIGO, 1994). Esse sistema, aperfeiçoado por Swingle e Reece (1967), divide a subfamília Aurantoideae em duas tribos: Clauseneae e Citreae. Por sua vez, Citrae foi subdividida em três subtribos: Triphasiinae, Balsamocitrineae e Citrinae, nos quais se encontram as diversas espécies pertencentes aos 13 gêneros reconhecidos como citros. Swingle e Reece (1967) dividiram a subtribo Citrinae em três grupos: Citros Primitivos (*Primitive Citrus*), Citros Próximos (*Near Citrus*) e Citros Verdadeiros (*True Citrus*).

Além disso, o sistema taxonômico, também muito usado, proposto por Tanaka em 1936 e atualizado em 1977, divide a subfamília Aurantoideae em oito tribos: Aegleae, Atalantieae, Aurantieae, Clauseneae, Lavageae, Meropeae, Microcitreae e Micromedeae. A tribo Aurantieae, na qual se encontram os citros, se divide em quatro subtribos: Hesperethusineae, Citropsinae, Citrinae (onde está o gênero *Citrus*) e Poncirinae.

Embora existam divergências entre esses dois sistemas taxonômicos em táxons superiores, as quais não serão discutidas, a grande diferença entre eles está no número de espécies do gênero *Citrus*. Enquanto Swingle e Reece (1967) propõem a existência de 16 espécies, Tanaka (1977) divide o gênero *Citrus* em 162 espécies. Porém, trabalhos posteriores, usando quimiotaxonomia (SCORA; KUMAMOTO, 1983), morfologia (BARRET; RHODES, 1976; SCORA, 1988), isoenzimas (TORRES et al., 1978; HERRERO et al., 1996a) e marcadores de DNA (ROOSE, 1988; GALUN, 1988; NICOLOSI et al., 2000; ASADI ABKENAR et al., 2004), propõem para o grupo dos citros cultivados (espécies de *Citrus* do subgênero *Citrus*) a

existência de quatro espécies, das quais três cultivadas – *C. medica* L., *C. reticulata* Blanco e *C. maxima* (Burm.) Merrill – e uma não cultivada – *C. halimii* B.C. Stone. As demais espécies são consideradas híbridos. Além de proporem um agrupamento entre as espécies de *Citrus*, diversos desses autores questionam a divisão entre os seis gêneros classificados por Swingle (1948) como citros verdadeiros.

Em um trabalho em que foram utilizados marcadores de DNA total (RAPD e SCARs) e marcadores de DNA de cloroplastos (cpDNA), Nicolosi et al. (2000) observaram que, quando as espécies de *Citrus* eram analisadas levando em conta o DNA total, havia uma clara separação dessas espécies entre os dois subgêneros propostos por Swingle e Reece (1967), *Citrus* e *Papeda*. Porém, os dados baseados em cpDNA resultaram em uma árvore filogenética diferente, sem a divisão *Citrus* e *Papeda*, e a maioria dos genótipos de *Citrus* se dividiu em *Archicitrus* e *Metacitrus*, de acordo com a classificação proposta por Tanaka (1977), exceto *C. medica* e *C. indica* Tanaka, que pertenceriam a dois subgêneros separados, segundo esses autores. Os dados de Araújo et al. (2003) também mostram uma discordância entre os dados obtidos com cpDNA e o sistema proposto por Swingle e Reece (1967).

Muitas são as razões para essa inconsistência entre os diversos sistemas taxonômicos propostos e mesmo para os resultados divergentes obtidos atualmente em trabalhos envolvendo inclusive marcadores moleculares. A ampla compatibilidade de cruzamentos observada entre espécies de *Citrus* e, ainda, entre espécies de gêneros relacionados, associada à existência de apomixia em muitas dessas espécies, bem como a alta frequência de mutações e séculos em condição de cultivo (seleção artificial e propagação vegetativa) são, segundo Frost e Soost (1968), as principais causas dessas disparidades de classificação. Porém, a amostragem inadequada da variabilidade genética das populações naturais tem resultado, segundo Gmitter e Hu

(1990), em conclusões distorcidas sobre o status taxonômico de diversas espécies de *Citrus* ou táxons relacionados. Além disso, Roose (1988) ressaltou que esse problema é mais sério em táxons silvestres, os quais, na maioria dos estudos filogenéticos, são representados por uma pequena porção de sua diversidade (muitas vezes um único acesso). A presença ou ausência de um caráter ou alelo não propicia evidência definitiva sobre a população da qual o indivíduo é originário.

Segundo Swingle e Reece (1967), a superioridade dos frutos produzidos pelas espécies de *Citrus* levou à sua extinção como plantas silvestres, pois, após serem descobertas pelos homens, essas espécies, anteriormente isoladas umas das outras, foram transplantadas para jardins de vilarejos. Esse plantio colocou essas espécies em contato umas com as outras, o que levou à polinização cruzada promovida por abelhas e outros insetos polinizadores, que resultou em um confundimento dos limites entre espécies. Os autores reforçam que, em muitas regiões do sudeste asiático, nos arquipélagos da Nova Zelândia e na Austrália, se observa um infundável conjunto de híbridos complexos de *Citrus*, que resulta em uma grande confusão na definição de espécies.

Citando diversos autores, Sharma et al. (2004), em uma revisão sobre recursos genéticos de citros no nordeste da Índia (região de Assam), destacam o trabalho de Bhattacharya e Dutta (1956), *Classificação dos Frutos de Citros de Assam*, em que foram coletadas plantas de *Citrus*, até mesmo em florestas não exploradas pelo homem. Esses autores defenderam que os primeiros animais a consumirem frutos de citros foram os elefantes e outros animais silvestres, como morcegos, macacos e ursos, os quais, além de mostrarem aos homens a viabilidade na utilização desses frutos como alimentos, devem ter agido como agentes de dispersão de citros.

Para Gmitter e Hu (1990), além de os citros terem sido espalhados por animais silvestres e pelo homem, outros

processos naturais, como os rios, tiveram um papel importante nesse processo de dispersão pelas diversas regiões onde essas espécies são encontradas em condições silvestres. Mas, em se tratando de um grupo de espécies de grande interesse hortícola, o maior agente de dispersão dos citros foi sem dúvida o homem, seja pela escolha daquelas frutas que mais o agradassem ou pela opção de cultivá-las, seja também pelo fato de levá-las consigo em grandes distâncias, em expedições colonizadoras, comerciais ou bélicas (WEBBER et al., 1967; RAMON-LACA, 2003).

Os processos evolutivos com maior impacto na evolução das espécies de citros são a hibridação, inter e intra-específica, as mutações gênicas e as mudanças cromossômicas estruturais (IWAMASA; NITO, 1988). Alterações de ploidia, embora sejam detectadas em condições silvestres (CAMERON; FROST, 1968), não parecem ser competitivas para passarem pelo crivo da seleção natural. Segundo Iwamasa e Nito (1988), frutos produzidos por plantas cítricas tetraplóides não são atrativos para o consumo humano, visto que possuem pele engrossada e tecido da polpa grosseiro e com pouco suco. Plantas triplóides em condições silvestres tendem a morrer em estágios precoces de seu desenvolvimento, por serem plântulas muito pequenas, originadas de sementes triplóides pequenas. Quando atingem a idade adulta, muitas vezes não produzem frutos, o que as torna sem interesse para o homem. O único caso de triplóide natural de interesse comercial em citros é o limoeiro 'Tahiti', que possui a característica de produzir, por partenogênese, frutos sem sementes, de grande valor econômico.

Hibridações amplas em citros, segundo Cameron e Frost (1968), foram mais comuns sob domesticação do que em períodos mais primitivos, porque muitas formas foram aproximadas apenas sob cultivo. As espécies do gênero *Citrus* e também dos demais gêneros dos chamados Citros Verdadeiros possuem uma grande afinidade de

cruzamentos. Iwamasa e Nito (1988) e Jarrel et al. (1992) observaram que essa afinidade de cruzamentos se deve ao fato de que, na maioria dos híbridos obtidos desses cruzamentos intergenéricos e interespecíficos, existe um pareamento bastante estável na meiose. Isso se explica pelo fato de que esses gêneros possuem genomas com grande homologia estrutural e funcional.

Essa similaridade genômica é muito interessante, principalmente quando se comparam os genomas dos gêneros *Citrus*, *Poncirus* e *Fortunela*, os quais foram originados no sudeste asiático e isolados por 20 a 30 milhões de anos dos gêneros *Microcitrus* e *Eremocitrus*, que ocorrem naturalmente na Austrália. Esses gêneros se mantiveram similares, a ponto de híbridos entre *Eremocitrus* e *Citrus* produzirem frutos que contêm muitas sementes, demonstrando que, entre eles, não há barreiras reprodutivas (IWAMASA; NITO, 1988).

Muitas espécies já possuem sua origem híbrida comprovada, como é o exemplo da laranja doce e da laranja azeda, que se originaram de cruzamentos diferentes entre toranja (*C.maxima*) e tangerina (*C. reticulata*). Os diversos genótipos desses híbridos seriam originados principalmente por mutações gênicas e translocações. Muitas outras espécies são originadas de níveis mais complexos de hibridação.

A embrionia nucelar, segundo Cameron e Frost (1968), possui um papel importante com relação à seleção natural e artificial em citros. A primeira atua não apenas nas plantas, mas também nos embriões, durante a formação da semente. A heterozigosidade observada nos citros, seja ela originada de hibridações seja de mutações, tem sido mantida pela embrionia nucelar. Esse mecanismo reprodutivo favorece o acúmulo de genes mutantes recessivos, até mesmo aqueles que levam à diminuição de vigor e fertilidade, por possibilitar a reprodução assexuada, atuando como um agente de isolamento que favoreceria a diferenciação evolutiva. Muitas formas de citros e de seus progenitores devem ter se reproduzido exclusivamente por

meio da embrião nucelar, por longos períodos de tempo. Ocasionalmente, algumas hibridações ou mesmo autofecundações ocorriam, possibilitando a recombinação de genes que deram origem a novos tipos de valor hortícola.

Cidra

A cidra (*C. medica*), segundo Swingle e Reece (1967), foi a primeira fruta cítrica a chegar à região do Mediterrâneo, aparentemente introduzida na Grécia, vinda do continente asiático, em decorrência da invasão da Pérsia por Alexandre, o Grande. Theophrastus (citado por RAMON-LACA, 2003), em 310 a.C., foi o primeiro autor europeu a mencionar um citros, descrevendo a cidra como fruto não comestível, mas de aroma agradável, usada com fins medicinais, para reumatismo e feridas na boca, e também como repelente para moscas. Por alguns séculos, segundo os autores acima, não há registro de plantios de citros nessa região. Provavelmente os genótipos que chegavam à Grécia e, mais tarde, à Itália, não eram adaptados às condições climáticas, pois, em suas regiões de origem, o frio era menos intenso, tanto que os primeiros dados de plantas cítricas cultivadas na região do Mediterrâneo são em jardins fechados (*orangeries*).

Inscrições encontradas em um templo em Karnac, no Egito, datadas do século 15 a.C. e registradas por Loret em 1891 (RAMON-LACA, 2003), são consideradas um indício de que a cidra tenha sido cultivada no Egito antigo e que o termo “citrus” seja de origem egípcia.

Provavelmente originada entre o Butão oriental, onde ocorre a espécie *C. nana*, uma cidra primitiva (TANAKA, 1977), e a região de Yunnan, na China, onde também ocorre uma grande variabilidade, é encontrada em altitudes que variam entre 300 m e 1.600 m (GMITTER; HU, 1990). A cidra foi considerada por Scora (1988) uma espécie ancestral, pelo fato de ser monoembriônica e diversificada

em suas formas, as quais incluem a pequena *C. nana*, a cidra do Yemem, de fruto grande, a forma *digitata* (*C. medica* var. *sacroductylis*) e as formas intermediárias das variedades *yunnaensis* e *muliensis*. Federici et al. (1998), a partir de dados obtidos com RFLP, observaram que os baixos índices de heterozigosidade da cidra demonstravam que essa espécie não possuía uma origem híbrida.

Em um estudo sobre filogenia e origem genética dos citros com o uso de marcadores moleculares, a partir da análise do DNA total com RAPD e SCARs, Nicolosi et al. (2000) consideraram a cidra como o genótipo ancestral de seu grupo, que incluía também *C. limettiodes* Tanaka (limada-pérsia), *C. jambhiri* Lush (limão-rugoso-da-flórida), *C. limonia* Osbeck (limão-cravo), *C. volkameriana* Pasq. (limão volkameriano), *C. limon* Burm. (limão verdadeiro) e *C. bergamia* Risso (bergamota-italia). Quando a análise foi realizada utilizando marcadores de cpDNA, observou-se que *C. medica*, mesmo sendo monoembriônica, deve ter atuado como genitor masculino na maior parte dos híbridos naturais em que participou.

Toranja

A toranja é conhecida como *C. maxima* ou *C. grandis*, embora, segundo Scora & Nicolson (1986), o nome científico usado com mais frequência seja *C. grandis*. Sob o Código Internacional de Nomenclatura Botânica, o nome correto é *C. maxima*. Os nomes comuns encontrados na literatura são *shaddock*, *pummelo* (em português, o termo pomelo é usado para designar o *grapefruit* – *C. paradisi*) ou *pompelmus*. Essa espécie se originou no arquipélago indico ou malaio, mais especificamente na Tailândia, considerada seu principal centro de diversidade (SCORA; NICOLSON, 1986; SCORA, 1988). Sua dispersão para outras áreas é muito antiga.

De acordo com Chapot (1950), citado por Ramon-Laca (2003), a presença de diversas características primitivas, tais como monoembrionia, embriões de origem sexual, pecíolo alado, pubescência generalizada, pequeno número de estames, ausência de flores masculinas e a predominância da fecundação cruzada, fazem dessa planta uma forte candidata à espécie verdadeira. Trabalhos posteriores, utilizando diversas técnicas de análise, vêm confirmando essas afirmações, demonstrando inclusive o papel dessa espécie como genitora (provavelmente feminino) na formação de citros de origem híbrida de grande importância comercial, como a laranja doce, o pomelo (*grapefruit*), o limão, a lima e a laranja azeda (BARRET; RHODES, 1976; SCORA, 1988; ROOSE, 1988; FANG; ROOSE, 1997; NICOLSI et al., 2000). Com o uso de marcadores moleculares (RFLP e RAPD), Federici et al. (1998) agruparam *C. maxima* com espécies de *Citrus* do subgênero *Papeda*, consideradas espécies mais primitivas, o que também confirma as observações acima. Um outro aspecto que reconhece essa espécie como verdadeira são os baixos valores de similaridade que são observados quando vários acessos são incluídos em análises de diversidade, como foi registrado por Fang et al. (1998) e Corazza-Nunes et al. (2002).

Tangerina

A terceira espécie considerada verdadeira, que possui importante papel como ancestral de diversos citros de origem híbrida de importância econômica, é *C. reticulata* Blanco, a tangerina. De forma geral, as tangerinas se originaram das regiões do sul da China e do Japão, mas algumas são originárias do nordeste indiano (HODGSON, 1967; HERRERO et al., 1996b).

As tangerinas existentes atualmente são, na opinião de Scora (1988), progênies de uma espécie ancestral

monoembriônica, o que, segundo o próprio autor, gera um questionamento sobre em que momento a poliembrionia, que é controlada por um único gene dominante, teria surgido no gênero *Citrus*, considerando ser essa espécie a fonte inicial dessa característica nesse gênero. Para Nicolosi et al. (2000), analisando DNA de cloroplastos, o ancestral materno das tangerinas poderia ser *C. inchangensis* Swingle, uma espécie derivada do subgênero *Papeda*; porém, esses mesmos autores comentam a possibilidade de *C. inchangensis* ser um híbrido entre uma tangerina (genitor feminino) e outra espécie de *Citrus* subgênero *Papeda*.

As tangerinas compõem o grupo de citros de maior variabilidade. Existem tipos monoembriônicos e poliembrionia, auto-incompatíveis e autoférteis (SWINGLE; REECE, 1967). Essa diversidade fenotípica, a poliembrionia, as hibridações, as mutações e os conceitos variáveis de espécie têm levado, segundo Coletta Filho et al. (1998), a uma grande controvérsia na classificação sistemática das tangerineiras, que variam desde o sistema proposto por Swingle e Reece (1967), considerando apenas uma espécie, com sistemas de Webber (1943) e Hodgson (1967) dividindo-as em quatro grupos taxonômicos, não totalmente coincidentes, até o sistema de Tanaka (1977), que reconheceu a existência de 36 espécies de tangerinas.

Diversos estudos filogenéticos envolvendo tangerinas, outras espécies do gênero *Citrus* e outros gêneros próximos têm comprovado ser o grupo das tangerinas uma única espécie composta, de acordo com as palavras de Coletta Filho et al. (1998), de “diversos indivíduos geneticamente diferentes e um grande número de híbridos, ao invés de um grande número de espécies, como proposto por alguns estudos taxonômicos”.

Nicolosi et al. (2000), analisando DNA total e cpDNA, confirmaram *C. reticulata* como espécie verdadeira (todas possuem um padrão de cpDNA similar), porém não foi possível identificar quais grupos atuaram como ancestrais em híbridos comprovadamente descendentes, como a laranja doce e a laranja azeda.

As tangerinas doces têm sido usadas para consumo in natura desde eras mais primitivas, enquanto os tipos azedos ou ácidos são usados como porta-enxertos, condimentos e medicamentos (MOORE, 2001). Apesar de ser uma espécie bastante difundida no oriente, as tangerinas foram introduzidas na Europa somente entre os séculos 18 e 19, provavelmente por intermédio dos árabes na Península Ibérica (RAMON-LACA, 2003).

A variabilidade existente entre as tangerinas se deve principalmente à existência de polinização cruzada, tanto dentro da espécie *C. reticulata* como de outras espécies, embora eventos mutacionais também demonstrem alguma importância, principalmente entre variedades do mesmo grupo (CAMERON; FROST, 1968; FANG; ROOSE, 1997; COLETTA FILHO et al., 1998; KOEHLER-SANTOS et al., 2003; YAMAMOTO; TOMINAGA, 2003).

Laranja doce

A laranja doce é a espécie cítrica mais plantada e consumida no mundo, seja como suco seja como fruta fresca. Originada em algum ponto entre o nordeste da Índia e o sul da China (RAMON-LACA, 2003), a chegada dessa espécie na Europa está ligada a atividades de navegação dos portugueses durante o século 15.

De acordo com Barret e Rhodes (1976), a laranja doce (*C. sinensis* Osbeck) é, na verdade, um híbrido entre a toranja (*C. maxima*) e a tangerina (*C. reticulata*). Essa afirmação vem sendo confirmada por diversos trabalhos que envolvem análises citogenéticas (IWAMASA e NITO, 1988; PEDROSA et al., 2000), isoenzimas (TORRES et al., 1978; HERRERO et al., 1996b) e marcadores de DNA (ROOSE, 1988; LURO et al., 1995; FANG; ROOSE, 1997; NICOLOSI et al., 2000; FANN et al., 2001).

Os resultados de Torres et al. (1978) confirmaram a origem híbrida da laranja doce, mas demonstraram que os padrões

isoenzimáticos das espécies envolvidas levavam a crer que *C. sinensis* não é um híbrido F₁ entre *C. reticulata* e *C. maxima*, podendo ser originada de um cruzamento mais complexo ou de uma geração subsequente.

As laranjas doces apresentam uma grande variabilidade morfológica, de época de maturação e de sabor, sendo divididas por Swingle e Reece (1967) em quatro subgrupos: a) laranjas comuns, as mais importantes, com muitas variedades, como a pêra, a mais cultivada no Brasil; b) as laranjas sem acidez, também conhecidas como laranjas-limas ou laranjas-do-céu; c) laranjas sangüíneas, com polpa vermelha, muito conhecidas na região mediterrânea; d) as laranjas-de-umbigo ou “Navel”, como a laranja ‘Bahia’. Porém, um aspecto considerado misterioso por Moore (2001) é que, apesar de as laranjas doces apresentarem toda essa variabilidade morfológica, quando são realizados estudos genéticos, a variabilidade observada é muito baixa, tanto em análises citogenéticas (PEDROSA et al., 2000), como em análises com diferentes marcadores moleculares (LURO et al., 1995; FANG; ROOSE, 1997; NOVELLI et al., 2006). Isso ocorre mesmo levando em conta que existe uma taxa de heterozigosidade considerada como intermediária por Herrero et al. (1996a).

Essas observações levaram esses autores a concluir sobre a origem monofilética das laranjas doces, ou seja, originadas a partir de um único genótipo, variando apenas em decorrência de mutações gênicas.

Pomelo

O pomelo (*C. paradisi* Macf.), conhecido mundialmente como *grapefruit*, é a única espécie cítrica originada no continente americano (ilha de Barbados, Caribe). É considerado um híbrido natural entre a toranja (*C. maxima*) e a laranja (*C. sinensis*), sendo, assim, um retrocruzamento (SWINGLE; REECE, 1967; HODGSON, 1967; SCORA, 1988; NICOLSI et al., 2000; CORAZZA-NUNES et al., 2002).

Apesar dessa origem híbrida, apresenta uma taxa de homozigose bastante alta, como foi observado por Torres et al. (1978), com isoenzimas.

De forma similar à laranja doce, a variabilidade observada em análises com marcadores de DNA é muito baixa, caracterizando que o processo de diferenciação entre cultivares de pomelo ocorreu basicamente por mutações (FANG; ROOSE, 1997; CORAZZA-NUNES et al., 2002).

Laranja azeda

A laranja azeda (*C. aurantium*), considerada por Sharma et al. (2004) como nativa da região nordeste da Índia, foi introduzida na região mediterrânea por volta do século 10 e, por muito tempo, foi a única laranja conhecida na Europa. Antes desse período, não existem registros sobre essa espécie.

Existem três tipos de laranja azeda: a) o tipo comum, usado principalmente como porta-enxerto (até a década de 1940 foi o mais usado no Brasil, mas, atualmente, está em desuso em virtude da sua reação ao vírus da tristeza dos citrus) e para elaboração de doces de casca; b) a laranja azeda adocicada, com fruto menos ácido; c) a laranja azeda variante, usada como planta ornamental e para extração do óleo “neuroli” de suas flores, altamente valorizado na indústria de perfumaria (SWINGLE; REECE, 1967; KOLLER, 1994; MOORE, 2001).

A laranja azeda também é considerada um híbrido entre *C. reticulata* e *C. máxima*, possuindo, segundo Barret e Rhodes (1976), um genótipo predominantemente de *C. reticulata* com introgressão de genes de *C. maxima*. Os dados de Nicolosi et al. (2000) permitem afirmar que, apesar de um híbrido entre as mesmas espécies ter dado origem à laranja doce, o cruzamento que produziu a laranja azeda foi outro. Provavelmente, diferentes variedades de tangerina estejam envolvidas nesses cruzamentos (HERRERO et al., 1996b).

Lima

Em sua extensa revisão, Ramon-Laca (2003) só encontrou registro do termo limeira a partir dos séculos 11 e 12, como sendo de origem árabe ou persa, para designar uma planta originada provavelmente do arquipélago malaio. Existem limas ácidas e limas doces. As limas ácidas se constituem basicamente em dois tipos, as de frutos pequenos, conhecidas no Brasil como limão-galego (*Mexican lime* ou *West Indian lime*), e as limeiras com frutos grandes, conhecidas como limoeiro 'Tahiti' (*Persian lime*), que é triplóide e, conseqüentemente, sem sementes. A lima doce é a lima-da-pérsia (*Palestian lime*, *Indian sweet lime*) (SWINGLE; REECE, 1967; KOLLER, 1994, MOORE, 2001).

De acordo com os resultados de Nicolosi et al. (2000), existem explicações diferentes para o surgimento dos diferentes biotipos de limas. O limão-galego foi considerado de origem tribrida por Barret e Rhodes (1976), envolvendo *C. medica*, *C. maxima* e uma espécie do gênero *Microcitrus*. Para Nicolosi et al. (2000), concordando com os dados de Scora (1988) e Torres et al. (1978), essa lima ácida é o resultado de um cruzamento que envolve a cidra como genitor masculino e uma espécie do gênero *Citrus*, subgênero *Papeda*, a qual, segundo esses autores, teve *C. micranta* como o mais provável genitor feminino.

A lima-da-pérsia, segundo Webber et al. (1967), seria um híbrido entre o limão-galego e um limão doce ou cidra doce e, para Barret e Rhodes (1976), seria o cruzamento entre o limão-galego e a laranja doce. Porém, os resultados mais recentes com marcadores moleculares nucleares e de cloroplastos, obtidos por Nicolosi et al. (2000), permitem afirmar que a lima-da-pérsia seja um híbrido de geração F_2 , ou um retrocruzamento entre a cidra como genitor masculino, com um genótipo similar à laranja doce como genitor feminino.

Limão

O limão, de acordo com Ramon-Laca (2003), é um mistério tanto do ponto de vista taxonômico quanto da sua origem, pois não existe nenhum dado consistente sobre a região de onde ele seria nativo. A primeira referência ao limoeiro é encontrada em manuscritos do século 10. O limão, que atualmente é usado principalmente para suco e como tempero, era usado como planta medicinal. Existem diversos tipos de limão, os mais comuns são ácidos, embora sejam conhecidos alguns doces – tipos sem acidez – (SWINGLE; REECE, 1967; MOORE, 2001).

A origem filogenética do limão é um assunto ainda bastante discutido. Para Swingle (1948), é um híbrido entre a cidra e a lima; para Barret e Rhodes (1976), é um trihíbrido bastante similar ao limão-galego (cidra x toranja x *Microcitrus* sp.), com uma introgressão para a cidra. Essa hipótese foi descartada por Torres et al. (1978), que apontam um cruzamento entre a laranja azeda e a lima como provável origem do limão. Os resultados com marcadores moleculares de Nicolosi et al. (2000) indicam que o limão deve ser um híbrido entre a cidra e a laranja azeda. Por sua vez, os dados obtidos por Fang et al. (1998) apontam para uma possível origem polifilética dos limões por eles estudados.

Sejam os citros espécies ou híbridos, é inegável a sua importância entre praticamente todos os povos, pois, mesmo em regiões onde não encontram condições de cultivo, os frutos frescos e seus diferentes produtos (principalmente sucos) encontram-se entre os mais apreciados e consumidos.

Referências

ARAÚJO, E. F.; QUEIROZ, L. P.; MACHADO, M. A. What is *Citrus*? Taxonomic implications from a study of cpDNA evolution in the tribe Citreae (Rutaceae, subfamily Aurantioideae). **Organisms Diversity & Evolution**, Berlin, v. 3, p. 55-62, 2003.

- ASADI ABKENAR, A.; ISSHIKI, S.; TASHIRO, Y. Phylogenetic relationships in the "true citrus fruit trees" revealed by PCR-RFLP analysis of cpDNA. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 102, p. 233-242, 2004.
- BARRET, H. C.; RHODES, A. M. A numerical taxonomic study of affinity relationships in cultivated *Citrus* and its close relatives. **Systematic Botany**, Laramie v. 1, p. 105-136, 1976.
- CAMERON, J. W.; FROST, H. B. Genetics, breeding and nucellar embryony. In: REUTHER, W.; BATCHELOR, L. D.; WEBBER, H. J. (Ed.). **The citrus industry**. Berkeley: University of California Press, 1968. v. 2. p. 325-370.
- COLETTA FILHO, H. D.; MACHADO, M. A.; TARGON, M. L. P. N.; MOREIRA, M. C. P. Q. D. G.; POMPEU-JUNIOR, J. Analysis of the genetic diversity among mandarins (*Citrus spp.*) using RAPD markers. **Euphytica**, Wageningen, v. 102, p. 133-139, 1998.
- CORAZZA-NUNES, M. J.; MACHADO, M. A.; NUNES, W. M. C.; CRISTOFANI, M.; TARGON, M. L. P. N. Assessment to genetic variability in grapefruits (*Citrus paradise* Macf.) and pummelos (*C. maxima* (Burm.) Merr.) using RAPD and SSR markers. **Euphytica**, Wageningen, v. 126, p. 169-176, 2002.
- DAVIES, F. S.; ALBRIGO, L. G. *Citrus*. Wallingford: CAB International, 1994. 254 p.
- FANG, D. Q.; KRUEGER, R. R.; ROOSE, M. L. Phylogenetic relationships among selected *Citrus* germplasm accessions revealed by inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 123, p. 612-617, 1998.
- FANG, D. Q.; ROOSE, M. L. Identification of closely related citrus cultivars with inter-simple sequence repeat markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 95, p. 408-417, 1997.
- FANN, J. Y.; KOVARIK, A.; HEMLEBEN, V.; TSIREKIDZE, N. I. BERIDZE, T. G. Molecular and structural evolution of *Citrus* satellite DNA. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 103, p. 1.068-1.073, 2001.
- FAO. **FAOSTAT DATA**. Disponível em: <http://faostat.fao.org/faostat_collections?version=ext&hasbulk=0&subset=agriculture>. Acesso em: 17 fev. 2006.
- FEDERICI, C. T.; FANG, D. Q.; SCORA, R. W.; ROOSE, M. L. Phylogenetic relationships within the genus *Citrus* (Rutaceae) and related genera as revealed by RFLP and RAPD analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 96, p. 812-822, 1998.
- FROST, H. B.; SOOST, P. K. Seed reproduction: development of gametes and embryos. In: REUTHER, W.; BATCHELOR, L. D.; WEBBER, H. J. (Ed.). **The citrus industry**. Berkeley: University of California Press, 1968. v. 2. p. 290-324.
- GALUN, E. Application of molecular methods to modern citrus taxonomy. In: GOREN, R.; MENDEL, K. (Ed.). **Proceedings of the sixth international citrus congress**. Tel Aviv: Balahan, 1988. p. 295-301.
- GMITTER, F. G.; HU, X. The possible role of Yunnan, China, in the origin of contemporary *Citrus* species (Rutaceae). **Economic Botany**, New York, v. 44, p. 267-277, 1990.
- GUERRA, M. Cytogenetics of Rutaceae. V. High chromosomal variability in *Citrus* species revealed by CMA/DAPI staining. **Heredity**, London, v. 71, p. 234-241, 1993.
- HERRERO, R.; ASÍNS, M. J.; CARBONELL, E. A.; NAVARRO, L. Genetic diversity in the orange subfamily Aurantioideae. I. Intraspecific and intragenus genetic variability. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 92, p. 599-609, 1996a.
- HERRERO, R.; ASÍNS, M. J.; PINA, J. A.; CARBONELL, E. A.; NAVARRO, L. Genetic diversity in the orange subfamily Aurantioideae. II. Genetic relationships among genera and species. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 93, p. 1.327-1.334, 1996b.

- HODGSON, R. W. Horticultural varieties of citrus. In: REUTHER, W.; WEBBER, H. J.; BATCHELOR, L. D. (Ed.). **The citrus industry**. Berkeley: University of California Press, 1967. v. 1. p.431-591.
- IWAMASA, M.; NITO, N. Citogenetics and evolution of modern cultivated *Citrus*. In: GOREN, R.; MENDEL, K. (Ed.). **Proceedings of the sixth international citrus congress**. Tel Aviv: Balahan, 1988. p. 265-275.
- JARREL, D. C.; ROOSE, M. L.; TRAUGH, S. N.; KUPPER, R. S. A genetic map of citrus based on segregation of isozymes and RFLPs in an intergeneric cross. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 84, p. 49-56, 1992.
- JUNG, Y. H.; KWON, H. M.; KANG, S. H.; KANG, J. H.; KIM, S. C. Investigation of the phylogenetic relationships within the genus *Citrus* (Rutaceae) and related species in Korea using plastid trnL-trnF sequences. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 104, p. 179-188, 2005.
- KOEHLER-SANTOS, P.; DORNELLES, A. L.; FREITAS, L. B. Characterization of mandarin citrus germoplasm from southern Brazil by morphological and molecular analysis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, p. 797-806, 2003.
- KOLLER, O. C. **Citricultura: laranja, limão e tangerina**. Porto Alegre: Rigel, 1994. 446 p.
- LURO, F.; LAIGRET, F.; BOVÉ, J. M.; OLLITRAULT, P. DNA amplified fingerprinting, a useful tool for determination of genetic origin and diversity analysis in *Citrus*. **HortScience**, Alexandria, v. 30, p. 1.063-1.067, 1995.
- MABBERLEY, D. J. A classification for edible *Citrus* (Rutaceae). **Telopea**, Sydney, v. 7, p. 167-172, 1997.
- MOORE, G. Oranges and lemons: clues to the taxonomy of *Citrus* from molecular markers. **Trends in Genetics**, Oxford, v. 17, p. 536-540, 2001.
- NICOLOSI, E.; DENG, Z. N.; GENTILE, A.; LA MALFA, S.; CONTINELLA, G.; TRIBULATO, E. *Citrus* phylogeny and genetic origin of important species as investigated by molecular markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 100, p. 1.155-1.166, 2000.
- NOVELLI, V. M.; CRISTOFANI, M.; SOUZA, A. A.; MACHADO, M. A. Development and characterization of polymorphic microsatellite markers for the sweet orange (*Citrus sinensis* L. Osbeck). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 29, p. 90-96, 2006.
- PEDROSA, A.; SCHWEIZER, D.; GUERRA, M. Cytological heterozygosity and the hybrid origin of sweet orange [*Citrus sinensis* (L.) Osbeck]. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 100, p. 361-367, 2000.
- RAMÓN-LACA, L. The introduction of cultivated *Citrus* to Europe via Northern Africa and the Iberian Peninsula. **Economic Botany**, New York, v. 57, p. 502-514, 2003.
- ROOSE, M. L. Isozymes and DNA restriction fragment length polymorphism in *Citrus* breeding and systematics. In: GOREN, R.; MENDEL, K. (Ed.). **Proceedings of the sixth international citrus congress**. Tel Aviv: Balahan, 1988. p.155-165.
- SCORA R. W. Biochemistry, taxonomy and evolution of cultivated Citrus. In: GOREN, R.; MENDEL, K. (Ed.). **Proceedings of the sixth international citrus congress**. Tel Aviv: Balahan, 1988.
- SCORA R. W.; KUMAMOTO, J. Chemotaxonomy of the genus *Citrus*. In: WATERMAN, P. G.; GRUNDON, M. F. (Ed.). **Chemistry and chemical taxonomy of the Rutales**. London: Academic Press, 1983. p. 343-351.
- SCORA R. W.; NICOLSON, D. H. The correct name for the shaddock, *Citrus maxima*, not *C. grandis* (Rutaceae). **Taxon**, Vienna, v. 35, p. 592-595, 1986. p. 277-289.
- SHARMA, B. D.; HORE, D. K.; GUPTA, S. G. Genetic resources of *Citrus* of north-eastern India and their potential use. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 51, p. 411-418, 2004.

- SWINGLE, W. T. Botany of Citrus and its wild relatives of the orange subfamily. In: WEBBER, H. J.; BATCHELOR, L. D. (Ed.). **The Citrus industry**. Berkeley: University of California Press, 1948. p.129-174.
- SWINGLE, W. T., REECE, P. C. The botany of Citrus and wild relatives. In: REUTHER, W.; WEBBER, H. J.; BATCHELOR, L. D. (Ed.). **The Citrus industry**. Berkeley: University of California Press, 1967. p. 190-430.
- TANAKA, T. Fundamental discussion of *Citrus* classification. **Studia Citrologica**, Osaka v. 14, p. 1-16, 1977.
- TORRES, A. M.; SOOST, R. K.; DIEDENHOFEN, U. Leaf isozymes as genetic markers in Citrus. **American Journal of Botany**, St. Louis, v. 65, p. 869-881, 1978.
- YAMAMOTO, M.; TOMINAGA, S. High chromosomal variability of mandarins (*Citrus spp.*) revealed by CMA banding. **Euphytica**, Wageningen, v. 129, p. 267-274, 2003.
- WEBBER, H. J.; BATCHELOR, L. D. (Ed.). **The Citrus industry**. 2. ed. Berkeley: University of California, 1943. 1.028 p.
- WEBBER, H. J.; REUTHER, W.; LAWTON, H. W. History and development of the citrus industry. In: REUTHER, W.; WEBBER, H. J.; BATCHELOR, L.D. (Ed.). **The Citrus industry**. Berkeley: University of California Press, 1967. p. 1-39.
- WEN-CAI, Z.; ZEN-YUAN, S.; JIN-HUA, L.; CHUAN-HAO, D.; SHU-SHIN, D.; FENG, W. Investigation and utilization of Citrus varietal resources in China. In: GOREN, R.; MENDEL, K. (Ed.). **Proceedings of the sixth international citrus congress**. Tel Aviv: Balahan, 1988. p. 291-294.



Cravos e cravinas

Aromas, cores e sabores muito além do jardim

Foto: Rosa Lía Barbieri





ravos e cravinas

Elisabeth Regina Tempel Stumpf

A floricultura mundial vem crescendo continuamente nas últimas décadas, principalmente com relação à diversidade de espécies oferecidas, ao volume de negócios e de consumo e ao ingresso de novos investidores na busca de uma alternativa mais rentável aos cultivos tradicionais (GODOY, 2004). As flores de corte pertencem ao segmento da floricultura que envolve flores cultivadas com propósitos ornamentais, como para a confecção de buquês e arranjos florais, para presentear ou para decorações. Existem centenas de plantas que produzem flores de corte importantes, das quais os cravos estão entre as dez mais comercializadas em todo o mundo.

Sobre a família e o gênero

Os cravos pertencem à família Caryophyllaceae, que possui cerca de 80 gêneros e mais de 2 mil espécies (BARROSO

et al., 2002) distribuídas em todo o mundo, em especial nas zonas temperadas e semitemperadas do Hemisfério Norte (JOLY, 1998; DEQUAN et al., 2001; HICKEY; KING, 2003; OFFICE..., 2005). Os principais centros de origem são a região do Mediterrâneo e o oeste da Ásia (até o oeste da China e Himalaia), com a ocorrência de algumas espécies também na África, na América e na Oceania (DEQUAN et al., 2001). A família compreende plantas anuais ou perenes, em sua maioria herbáceas, raramente arbustivas ou subarbustivas. As cariofiláceas, em geral, apresentam o caule entumescido nos nós, com ramificação freqüentemente dicotômica (BARROSO et al., 2002). Apresenta espécies com uso medicinal e ornamental, com destaque, no último caso, para o gênero *Dianthus* L., dos cravos e das cravinas (JOLY, 1998; DEQUAN et al., 2001).

Como a maior parte das espécies de *Diathus* hibridizam entre si, não se sabe, ao certo, o número de espécies existentes. Autores indicam a existência de 300 (LINDGREN, 1995; GALBALLY; GALBALLY, 1997; TRINKLEIN, 2004) a 600 espécies (DEQUAN; TURLAND, 2001). As plantas pertencentes ao gênero são em geral perenes e herbáceas, em cujas hastes, articuladas, inserem-se as folhas opostas, lineares ou lanceoladas. As flores, solitárias ou em grupos (DEQUAN; TURLAND, 2001), possuem epicálise, um conjunto de brácteas que envolve o cálice. Este último é composto por quatro ou cinco sépalas sem estrias, livres ou unidas na base. A corola, de prefloração torcida, apresenta quatro ou cinco pétalas (BARROSO et al., 2002; HICKEY; KING, 2003) com bordos freqüentemente irregulares ou serrilhados (GALBALLY; GALBALLY, 1997; HICKEY; KING, 2003). As pétalas podem ter cores únicas, como vermelho, rosa, púrpura ou branco (DEQUAN; TURLAND, 2001), duas cores mescladas, ou somente a região central com coloração diferenciada (GALBALLY; GALBALLY, 1997). A floração ocorre, principalmente, na primavera e no verão (HARPER; MC GOURTY, 1982).

Cravos e cravinas: as principais espécies ornamentais do gênero

As espécies e híbridos de *Dianthus* são cultivados comercialmente para uso no paisagismo ou como flores de corte e incluem os cravos (*D. caryophyllus* L.) e as cravinas (*D. barbatus* L. e *D. chinensis* L.).

Existem várias interpretações para a origem do nome do cravo, todas relacionadas ao idioma grego. *Dianthus* viria de *dios*, Deus, e de *anthus*, flor (QUATTROCCHI, 1999; VANDAVEER, 2002), resultando na denominação “flor dos deuses” ou “flor divina” (INFOAGRO, 2006). Para o epíteto específico *caryophyllus*, uma das versões explica que a palavra teria vindo de *karya* (nogueira) e *phyllon* (folha), em virtude da semelhança entre seus aromas. Outra referência, no entanto, indica que, utilizado inicialmente para dar nome ao cravo-da-índia – *Eugenia caryophyllus* (Spreng.) Bullock e Harrison. sin. *Syzygium aromaticum* (L.) Merr. e Perry –, o nome específico foi posteriormente levado para denominar o cravo (CEPROBOL, 2006), já que o aroma de suas flores lembraria o daquela especiaria (LARSON, 1992).

Os cravos de corte utilizados pelos floristas pertencem à espécie *D. caryophyllus*, mas sua taxonomia e evolução não estão bem definidas. Basicamente, são híbridos que envolvem duas ou mais espécies de *Dianthus*, sendo uma delas, *D. caryophyllus* (SNIF, 2006) e, em menor grau, *D. arboreus* L., *D. chinensis* L. ou *D. knappii* (Pant.) Asch. e Kanitz ex Borb. (LINDGREN, 1995).

D. caryophyllus é uma planta compacta, que possui hastes pequenas e flores simples, com cinco pétalas (LINDGREN, 1995), o que, aliado ao curto período de florescimento, apenas no verão (LARSON, 1992), limita seu uso na arte floral. As flores podem ser de coloração branca, rosa ou púrpura (GALBALLY; GALBALLY, 1997) e apresentam maior potencial de uso no paisagismo, para conferir colorido aos jardins (MATHEWS, 2006).

Os cravos dos floristas, híbridos de *D.caryophyllus*, são cultivados especialmente para a comercialização das hastes florais (LORENZI; SOUZA, 2001) por suas características ornamentais, durabilidade após o corte e resistência ao manuseio e ao transporte (REMIGIO et al., 2002). São plantas perenes, que podem atingir até 80 cm de altura (CEPROBOL, 2006) e cujas folhas, lineares, planas e acuminadas, são de coloração cinza-azulada (GALBALLY; GALBALLY, 1997; INFOAGRO, 2006). Os caules são herbáceos, glabros e com 15 a 18 nós dilatados, de onde surgem as brotações. Os botões florais são produzidos somente nos seis ou sete primeiros nós (GODOY, 2004). O cálice é cilíndrico e as sépalas triangulares. As pétalas, contíguas, são denteadas e de formato irregular (CEPROBOL, 2006). Com base no número de pétalas, as flores podem variar de simples até dobradas. As primeiras têm apenas cinco pétalas e não possuem valor para o mercado da floricultura (SCOVEL et al., 1998), enquanto as dobradas podem ter até 40 pétalas (OFFICE..., 2005). Em consequência do aumento do número de pétalas, o acesso ao aparelho reprodutivo das flores ficou restrito a polinizadores com probóscides longos, como as borboletas (BARROSO et al., 2002; OFFICE..., 2005). As variedades modernas florescem o ano todo e possuem flores com maior número de cores, flores maiores e hastes mais resistentes do que as de seus ancestrais (LARSON, 1992). As flores apresentam as cores vermelha (nos seus mais diversos matizes), branca, rosa ou amarela (LORENZI; SOUZA, 2001), podendo ser também variegadas (MATHEWS, 2006).

Atualmente são comercializados dois tipos de cravos, o standard ou uniflora e o spray ou multiflora. No primeiro tipo, a flor, grande e única, é paralela à haste, enquanto, no segundo, existe um maior número de botões florais por haste (HORTICOM, 1997). Os cravos do tipo uniflora, em sua maioria derivados dos cravos americanos (SALINGER, 1991), são cada vez mais cultivados e possuem a vantagem de ser resistentes ao fungo *Fusarium*

oxysporum (CEPROBOL, 2006), de ocorrência comum nos craveiros (GALLI et al., 1980). Nesses cravos, um aspecto importante é a escolha de variedades com a menor tendência possível de emitir brotações laterais (INFOAGRO, 2006), que precisam ser retiradas durante o cultivo. Os cravos do tipo multiflora, ao contrário do tipo uniflora, são cultivados para produzirem brotações em todos os quatro primeiros nós (GODOY, 2004), florescendo em um mesmo plano horizontal (HORTICOM, 1997). As flores podem ser de cor única, como rosa, vermelha ou laranja, ou ainda rajadas, nas cores vermelha e laranja (SALINGER, 1991).

D. barbatus (do latim, franja ou barba), a cravina-de-buquê, é uma espécie bienal, freqüentemente cultivada como anual (HARPER; MC GOURTY, 1998; MATHEWS, 2006) e muito utilizada em jardins (LORENZI; SOUZA, 2001). Variedades modernas dessa espécie foram desenvolvidas para ser cultivadas também como flores de corte, com hastes que chegam a 90 cm de comprimento, e como plantas para vasos, com uma altura média de 50 cm (LINDGREN, 1995; PANAMERICAN SEED, 2004). A espécie apresenta inflorescências terminais ramificadas, formadas por numerosas flores pequenas e pouco perfumadas, que surgem da primavera ao verão (HARPER; MC GOURTY, 1998; MATHEWS, 2006). As flores, de coloração vermelha, rosa, púrpura, salmão, branca ou bicolores (LINDGREN, 1995), podem ser simples ou duplas e apresentar a região central com coloração diferente do restante das pétalas (TRINKLEIN, 2004).

D. chinensis, a cravina ou cravo-dos-poetas, também é uma planta bienal, cultivada como anual e utilizada em jardins (LORENZI; SOUZA, 2001). Nativa da China, como o nome diz, a cravina alcança em média 30 cm de altura e no verão produz inflorescências terminais densas, formadas por pequenas flores lanceoladas perfumadas, com 6 cm a 7 cm de diâmetro, em geral simples, com cinco pétalas, mas algumas vezes duplas (TRINKLEIN, 2004; PANAMERICAN SEED, 2004; MISSOURI, 2006). As pétalas possuem

formatos e cores variadas (MATHEWS, 2006), como vermelha, rosa, roxa, branca ou com mais de uma cor (LORENZI; SOUZA, 2001).

Importância econômica

Os cravos e as cravinas estão entre as flores de corte mais importantes na floricultura mundial e, junto com as rosas, são responsáveis por cerca de 70 % da demanda mundial (ANEFALOS, 2004). Em 1995, os cravos representaram 15 % do mercado mundial, perdendo apenas para as rosas (LIEMT, 2006) e, em 2001, ocuparam a terceira posição entre as flores mais comercializadas em todo o mundo (ZUKER et al., 2001). Em países de clima temperado, como Holanda e Inglaterra, eles são produzidos em ambientes aquecidos, ao passo que, em regiões de clima ameno, como na Itália e na Califórnia (Estados Unidos), o cultivo pode ser feito em estufas não climatizadas (SALINGER, 1991).

A Holanda, a Colômbia e o Equador são os principais exportadores de cravos, enquanto a Alemanha, a Inglaterra e os Estados Unidos são os principais compradores. Embora a Colômbia seja o maior fornecedor de cravos do tipo uniflora para os Estados Unidos, o Equador e a Guatemala também se destacam no abastecimento de cravos para o mercado norte-americano (CEPROBOL, 2006).

Os cravos com maior aceitação no mercado são os vermelhos, seguidos pelos de cor amarela, creme, branca e rosa (SALINGER, 1991). Existe também uma grande demanda por cravos variegados ou bicolors, com estrias ou bordas de cores diferentes do restante da flor (HORTICOM, 1997). Em geral, as variedades com flores amarelas são menos produtivas e mais suscetíveis a doenças do que as demais, enquanto algumas flores vermelhas ainda possuem o característico aroma dos cravos-da-índia (SALINGER, 1991).

As variedades comerciais mais importantes são estéreis e, em sua maioria, altamente heterozigotas; portanto, a fim

de assegurar as características desejadas, devem ser propagadas vegetativamente (OFFICE..., 2005). Por essa razão, as mudas são obtidas, principalmente, de estacas retiradas de plantas cultivadas especialmente para esse fim (SALINGER, 1991), permanentemente podadas com o propósito de produzir um alto número de ramos vegetativos. Em meados dos anos de 1970, os principais produtores de mudas de cravos eram a Itália, a Alemanha, a Holanda e a França. Os países do norte mantinham então viveiros de plantas matrizes nos países do sul, próximos ao Mediterrâneo, a fim de obter estacas também no inverno e na primavera (D'HAESE, 1974). Ainda hoje, em decorrência da facilidade de multiplicação, o cravo é objeto de importante comércio internacional de estacas livres de vírus e enfermidades, produzidas principalmente pela Holanda, Itália, Alemanha e Israel (GODOY, 2004; RAMÍREZ, 2005; CEPROBOL, 2006). As variedades multiplicadas são protegidas por patentes homologadas por instituições oficiais, embora seja comum a falta de controle e de respeito às normas (HORTICOM, 1997).

O Brasil apresenta um consumo bastante tradicional com relação aos produtos da floricultura, o que coloca os cravos entre as dez flores de corte com maior volume de comercialização, e as cravinas entre as plantas mais consumidas para o paisagismo (MOTOS, 2000). Ambas apresentam oferta constante durante todo o ano, com picos no mês de maio e, no caso da cravina, também em dezembro (AKI, 2003). No Rio Grande do Sul, principal consumidor e tradicional produtor de flores de corte, os cravos estão igualmente entre as espécies mais cultivadas (CLARO, 1999). Em 2000, com apenas 25 produtores de cravos em todo o estado (DAUDT, 2000), o volume produzido era insuficiente para abastecer o mercado. Em 2002, a situação não parecia melhor. A maior parte das oito toneladas comercializadas na Ceasa/RS precisou ser importada de Santa Catarina (63,06 %) e de São Paulo (36,05 %), ao passo que a produção gaúcha colaborou com

menos de 1 % desse montante (informação pessoal¹). As cravinas, por sua vez, começaram a se destacar no cenário da floricultura gaúcha no ano 2000, quando havia 105 produtores dessa espécie (DAUDT, 2000). Em 2002, perto de 20 mil pacotes de flores, 7 mil vasos e cerca de 600 mil mudas para jardim foram produzidos no Rio Grande Sul (DAUDT, 2002).

Citogenética e melhoramento

Os cravos, com número cromossômico $x=15$, são geralmente diplóides ($2n=30$), existindo algumas espécies tetraplóides ($4n=60$) e triplóides ($3n=45$). Estas últimas são produzidas com propósitos comerciais (LINDGREN, 1995; GALBALLY; GALBALLY, 1997) e, em geral, produzem plantas aneuplóides (OFFICE..., 2005). A maior parte das variedades disponíveis na Austrália e na Europa é diplóide (GALBALLY; GALBALLY, 1997). *D. barbatus*, *D. chinensis* e *D. caryophyllus* são espécies diplóides, com $2n=30$ (JALAS; SUOMINEN, 1988; INDEX..., 2006). Depois de muitas hibridações e processos de seleção, os cravos silvestres deram origem às variedades modernas. A história conta que foi Linnaeus (1707–1778), botânico que instituiu o sistema de nomenclatura científica binomial, quem deu início ao melhoramento de cravos por meio da polinização cruzada (HAKANSSON, 1992).

D. caryophyllus foi intensamente utilizado por melhoristas durante séculos, basicamente em cruzamentos inter e intra-específicos (OFFICE..., 2005) e, como resultado, foram desenvolvidas as inúmeras variedades e híbridos atualmente disponíveis (GALBALLY; GALBALLY, 1997). Embora o melhoramento de cravos tenha iniciado no século 16, as variedades com floração permanente foram desenvolvidas na França, em 1840 (LARSON, 1992), e os

¹ Amauri Moraes Pereira, Setor de Análise e Informações da Ceasa/RS, 2005.

primeiros cravos adaptados para a produção de flores de corte, somente em 1845 (INFOAGRO, 2006). No século 19, a partir de cruzamentos entre cravos franceses, italianos e espanhóis, foi desenvolvida a variedade Niza. Levada para os Estados Unidos, em 1938, por William Sim, essa variedade passou por processos de melhoramento que deram origem aos híbridos bastante utilizados, conhecidos como cravos 'Sim' ou 'Americanos', com flor única, grande comprimento de haste e boa durabilidade após o corte (GODOY, 2004).

Os programas de melhoramento modernos estão focados na ampliação da oferta de cores e de formatos das flores, na redução dos custos de produção, na prevenção de pragas e moléstias e na maior resistência ao armazenamento e ao transporte (SPARNAAIJ; DEMMINK, 1983). As tendências atuais apontam ainda para outros objetivos além desses, como a introdução de resistência a vírus e fungos e a obtenção de novos híbridos para o cultivo em vasos e jardins (CEPROBOL, 2006). Recentemente, cravos com novas características agronômicas e ornamentais foram gerados com uso de técnicas de transformação genética (BAJAJ, 2001). Por meio dessas técnicas, foram obtidas variedades com maior resistência a fungos (principalmente, a *Fusarium oxysporum*), maior capacidade de enraizamento, maior produção de hastes e de flores por planta e cores com alto potencial de comercialização. Análises sensoriais demonstraram ainda que as flores apresentaram mais perfume do que as flores das plantas controle (ZUKER et al., 2001).

A engenharia genética pode também ser utilizada para produzir flores mais duráveis ou com cores inusitadas, como o azul. A identificação de marcadores moleculares ligados a características de durabilidade pós-colheita, por exemplo, é considerada importante ferramenta para o melhoramento dos cravos (DE BENEDETTI et al., 2005). O primeiro cravo geneticamente modificado para essa característica foi obtido em 1995. A nova variedade apresentou durabilidade pós-colheita duas vezes superior à variedade de origem, passando de cinco para nove dias

após o corte. Apesar disso, essa variedade não foi lançada comercialmente, pois não havia sido comprovada a estabilidade da característica (BAJAJ, 2001). Quanto à cor dos cravos, essa é atribuída à presença de carotenóides, responsáveis pelas cores laranja e amarela, e de flavonóides, entre eles, as antocianinas. Não existem, naturalmente, cravos de cor azul ou lilás, pois falta parte da rota da biossíntese desses pigmentos (OFFICE..., 2005). O resultado mais próximo foi obtido em 1996, pela transferência dos genes responsáveis pela cor azul da petúnia (*Petunia x hybrida*), originando um cravo de cor violeta, a primeira flor geneticamente modificada comercializada em todo o mundo (STOYLES et al., 2003; AINSWORTH, 2006). Desde 1999, esses cravos modificados são produzidos e comercializados na Austrália, Equador e Colômbia (BAJAJ, 2001; SNIF, 2006). Para sua comercialização, no entanto, é exigido o uso de etiquetas com a informação de que são plantas geneticamente modificadas, para obtenção da cor, e de que só servem para propósitos ornamentais (SNIF, 2004). Posteriormente, outros cravos tiveram suas cores geneticamente modificadas pela mesma empresa australiana. Devidamente patenteados, estão atualmente disponíveis no mercado em vários matizes de violeta, desde o mais claro até próximo ao preto (FLORIGENE, 2006).

Esforços também têm sido feitos no intuito de restabelecer o aroma dos cravos, perdido em detrimento dos atributos estéticos ao longo do processo de seleção artificial (HORTICOM, 1997) e da obtenção de variedades com flores dobradas e semidobradas. Esses dois tipos de flores, contudo, não são facilmente evidenciáveis, em virtude da influência que o ambiente exerce sobre o fenótipo. A herdabilidade desse atributo foi estudada em progêneses segregantes para tipo de flor e, com base no número de flores simples obtidas, foi evidenciado que a característica é expressa somente em plantas homozigotas para o alelo recessivo e que uma mutação dominante nesse alelo causa o acréscimo no número de pétalas (SCOVEL et al., 1998).

Cravos: sua história, usos e simbologia

Apesar de figurar entre as flores com maior índice de comercialização, a história da origem dos cravos e de sua distribuição pelo mundo não se encontra devidamente registrada.

As espécies do gênero *Dianthus* são encontradas principalmente nas regiões temperadas da Ásia, da Europa e do Mediterrâneo, existindo algumas espécies nativas da África, do Ártico e da América do Norte (DEQUAN; TURLAND, 2001; OFFICE..., 2005).

D. caryophyllus é nativo exclusivamente da zona mediterrânea da Espanha, da França, da Grécia e da Sicília e Sardenha, na Itália (OFFICE..., 2005). *D. barbatus* é nativo da zona mediterrânea, da região dos Balcãs (sudeste da Europa) e do sul da Rússia (LINDGREN, 1995; LEVY-YAMAMORI; TAAFFE, 2004) e *D. chinensis*, por sua vez, das montanhas do leste asiático (OFFICE..., 2005).

Várias espécies de *Dianthus* foram cultivadas com propósitos ornamentais por centenas de anos. Os cravos, por exemplo, são cultivados pelo homem há mais de 2 mil anos. Em 300 a.C., já era conhecido como a “flor divina ou dos deuses”. Na Grécia, eram feitas coroas com as flores, as quais eram entregues aos vencedores de competições atléticas (LARSON, 1992).

Relatos dão conta de que os cravos foram cultivados no passado, principalmente, por pessoas ricas e por monges, em jardins especiais, e de que existiam espécies silvestres na região da Grécia (HAKANSSON, 1992). Seu cultivo, de fato, parece ser muito antigo, datando da Grécia (776–323 a.C.) e de Roma (753–509 a.C.) antigas. Na Idade Média (476 a 1453 d.C.), foi intensamente cultivado por causa de seu perfume. No século 19, a França passou a produzir cravos comercialmente, tanto a céu aberto como em estufas (OFFICE..., 2005). Mais tarde, algumas espécies do gênero *Dianthus* foram levadas até a Inglaterra e, de lá, por

intermédio dos colonizadores, chegaram até a América do Norte (GALBALLY; GALBALLY, 1997; TRINKLEIN, 2004), onde o cultivo e o melhoramento, voltados para o mercado de flores de corte, tiveram grande impulso (OFFICE..., 2005).

As referências européias mais antigas do gênero datam do século 16, com relatos de que *D. barbatus* foi introduzida na Inglaterra no ano de 1573 e de que, em 1597, era comum nos jardins, com inúmeras variedades de flores simples ou duplas (GALBALLY; GALBALLY, 1997, GODOY, 2004). *D. barbatus* foi introduzido no Japão em 1887, igualmente, para cultivo em jardins (LEVY-YAMAMORI; TAAFFE, 2004).

A história do cultivo de cravos no Brasil limita-se ao registro de que o primeiro cultivo foi implantado no ano de 1912, em Garanhuns, PE, pelo engenheiro agrônomo italiano Afonso Notaro, que veio ao País para dirigir uma escola agrícola (IBRAFLOR, 2001).

Como visto, os cravos e as cravinas fazem parte do elenco de produtos da floricultura, podendo ser usados como flor de corte ou como planta para jardins, por seu aroma, colorido e porte. Mas, além disso, as flores podem ser usadas para fins culinários (TRINKLEIN, 2004). Para o preparo de receitas, no entanto, a parte basal das pétalas deve ser retirada, por ser muito amarga. As pétalas são então empregadas em saladas e tortas de frutas. Para rechear sanduíches, são picadas e misturadas com queijo cremoso. Servem ainda para aromatizar vinhos, açúcares, sorvetes, bolos e pudins, e das flores é extraído um corante usado na confeitaria. O cravo é amplamente empregado na culinária por conferir um leve gosto de cravo-da-índia às receitas, até mesmo em empanados à base de pétalas de cravo e suco de limão (FELIPPE, 2003). Um dos mais de 130 ingredientes secretos do ainda famoso licor *Chartreuse*, criado na França no século 17, como um “elixir da longa vida”, são as pétalas de cravos (MORSE, 1995). Já nos séculos 17 e 18, na Inglaterra e na França, elas aromatizavam manteigas, vinagres, xaropes e outros produtos da culinária e continuam sendo empregadas em

receitas de geléias e de molhos frios para acompanhamento de carnes (BRINGLE, 1978). Cristalizadas, as pétalas de cravos e cravinas servem para decorar tortas e outros pratos (MORSE, 1995).

Na época da rainha Elisabeth (1533–1603), da Inglaterra, cravos eram colocados em quartos de doentes para fortalecer e dar energia. Eram ainda indicados para curar feitiços e para prevenir pesadelos. Cravos frescos vermelhos, depositados em altares, e o uso das flores secas em sachês e incensos, pretensamente, faziam o mesmo efeito (CUNNINGHAM, 2000). Atualmente, o conhecimento popular indica o chá, feito com as flores inteiras, para o combate da debilidade geral, de anginas e de dores no peito e como fortificante para o coração e o sistema nervoso. A fricção com o óleo extraído das flores seria também eficaz para o alívio de dores (CEPROBOL, 2006), enquanto o decocto teria efeito sobre doenças urinárias e amenorréias (TIERRA, 1997).

As flores dos cravos são também conhecidas pela fragrância, derivada de sua composição, em particular, do eugenol e de derivados do ácido benzóico (ZUKER et al., 2001). Na destilação é extraído um óleo espesso, claro e translúcido, com muita fragrância, que lembra o das madeiras orientais (CRAVO, 1996). Desde o século 4, na Índia, os cravos fazem parte de bálsamos utilizados em rituais de banho e de óleos para massagem. Na França, figuras históricas, como Madame Pompadour (1721–1764) e Napoleão Bonaparte (1769–1821), utilizavam perfumes, de cujas fórmulas, invariavelmente, os cravos faziam parte. No Brasil, o perfume mais conhecido que possui cravos em sua composição é uma lavanda para uso infantil, criada no início dos anos de 1950 e utilizada até hoje (ASHCAR, 2001).

Na expressão de sentimentos e na simbologia, os cravos também marcaram seu lugar ao longo dos tempos. Dizem que Maria Antonieta (1755–1793), esposa do rei Luís XVI, da França, recebia mensagens escondidas em ramalhetes de cravos enquanto esteve aprisionada durante a Revolução

Francesa. Uma dessas mensagens, que continha um plano de fuga, teria sido interceptada por guardas, dando fim a seus objetivos (WARD, 1999).

Em 1907, a americana Anna Jarvis escolheu o cravo como o símbolo do Dia das Mães, instituído por ela para fortalecer os laços familiares e o respeito pelos pais. Durante a primeira missa das mães, ela enviou 500 cravos brancos para serem distribuídos aos presentes, como demonstração de pureza, fidelidade, amor, caridade e beleza (SCHMIDT, 1997). Serviram igualmente como símbolo, no levante militar que ocorreu em Portugal, no dia 25 de abril de 1974, que pôs fim ao regime autoritarista vigente. Na ocasião, militares do exército ocuparam pacificamente as ruas usando cravos vermelhos nas fardas ou nos fuzis como sinal de protesto, o que deu, ao movimento, o nome de Revolução dos Cravos (SECCO, 2004).

Desconhecidos pela maior parte das pessoas, há vários costumes, lendas e tradições envolvendo os cravos. A etiqueta convencional, por exemplo, somente considera completo o traje de casamento masculino, especialmente o fraque, se ele apresentar um cravo branco na lapela. Apesar dos esforços em banir qualquer tipo de preconceito relacionado ao consumo e ao uso de flores, até pouco tempo dizia-se que apenas os cravos, sejam brancos ou vermelhos, eram as flores apropriadas para presentear homens. No Brasil, prova disso é que eles ainda são as flores com maior volume de vendas no Dia dos Pais (AKI, 2003).

Referências

AINSWORTH, C. C. **Flowering and its manipulation**: annual plant reviews. Oxford: Blackwell, 2006. 320 p.

AKI, A. **Você já pensou em abrir uma floricultura?** Holambra: Heliza, 2003. 80 p.

ANEFALOS, L. C. **Modelo insumo-produto como instrumento de avaliação econômica da cadeia de suprimentos**: o caso da exportação de flores de corte. 2004. 210 f. Tese (Doutorado em Economia Aplicada) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

ASHCAR, R. **Brasileência**: a cultura do perfume. São Paulo: Nova Cultural, 2001. 203 p.

- BAJAJ, Y. P. S. **Transgenic crops III: biotechnology in agriculture and forestry**. New York: Springer, 2001. 370 p.
- BARROSO, G. M.; PEIXOTO, A. L.; ICHASO, C. L. F.; GUIMARÃES, E. F.; COSTA, C. G. **Sistemática de angiospermas do Brasil**. Viçosa: UFV, 2002. 309 p.
- BRINGLE, C. **Edible and useful plants of California**. Berkeley: Clarke University of California Press, 1978. 280 p.
- CEPROBOL. **Sistema de información y asesoramiento en comercialización para productores agrícolas**. Disponível em: <<http://www.ceprobol.gov.bo/perfilesMercado/perfilClaveles.htm>>. Acesso em: 30 mar. 2006.
- CLARO, D. P.; SANTOS, A. C.; ALENCAR, E.; ANTONIALLI, L. M.; LIMA, J. B. O complexo agroindustrial das flores do Brasil e suas peculiaridades. **Revista de Administração da UFLA**, Lavras, v. 1, n. 2, p. 17-31, 1999.
- CLAVELL. Disponível em: <<http://www.clavell.com/etimo.html#flower>>. Acesso em: 29 mar. 2006.
- CRAVO, A. B. **Plantas & perfumes: as essências mais usadas**. São Paulo: Helmus, 1996. 150 p.
- CUNNINGHAM, S. **Cunningham's encyclopedia of magical herbs**. St. Paul: Llewellyn, 2000. 318 p.
- D'HAESE, L. The organization of the market for carnation flowers. **Acta Horticulturae**, Wageningen, v. 40, p. 481-486, 1974.
- DAUDT, R. H. S. **Cadastro eletrônico dos produtores de flores e plantas ornamentais do RS**. Porto Alegre: UFRGS, 2000. 1 CD-ROM.
- DAUDT, R. H. S. **Censo da produção de flores e plantas ornamentais no RS na virada do milênio**. Porto Alegre, 2002. 107 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.
- DE BENEDETTI, L.; BRAGLIA, L.; BRUNA, S.; BURCHI, G.; MERCURI, A.; SCHIVAT. Pcr-based markers and cut flower longevity in carnation. **Acta Horticulturae**, Leuven, v. 683, p. 437-444, 2005.
- DEQUAN, L.; TURLAND, N. J. Dianthus. **Flora of China**, St. Louis, v. 6, p. 102, 2001.
- DEQUAN, L.; WU, Z.; ZHOU, L.; CHEN, S.; GILBERT, M. G.; LIDÉN, M.; MCNEILL, J.; MORTON, J. K.; OXELMAN, B.; RABELER, R. K.; THULIN, M.; TURLAND, N. J.; WAGNER, W.L. Caryophyllaceae. **Flora of China**, St. Louis, v.6, p. 1, 2001.
- FELIPPE, G. **Entre o jardim e a horta: as flores que vão para a mesa**. São Paulo: Senac, 2003. 286 p.
- FLORIGENE. **Florigene: the world's first molecular breeder**. Disponível em: <<http://www.florigene.com/about/whoweare.php>>. Acesso em: 15 abr. 2006.
- GALBALLY, J.; GALBALLY, E. **Carnations and pinks for garden and greenhouse: their true history and complete cultivation**. Portland: Timber, 1997. 310 p.
- GALLI, F. (Coord.). **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. 2. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 1980. v. 2. 587 p.
- GODOY, P. A. O. **Evaluación productiva de ocho variedades de clavel (*Dianthus caryophyllus*) en la comuna de Nueva Imperial, IX Región**. 2004. 56 f. (Monografía de Conclusão de Curso) - Universidad Católica de Temuco, Temuco.
- HAKANSSON, L. The type of the carnation flower during the time of commercialisation. **Acta Horticulturae**, Santa Fe de Bogotá, v. 307, p. 167-172, 1992.

- HARPER, P.; MC GOURTY, F. **Perennials**. Los Angeles: HP Books, 1982. 160 p.
- HICKEY, M.; KING, C. **Common families of flowering plants**. Cambridge: Cambridge University Press, 2003. 212 p.
- HORTICOM. Juego varietal: el tamanõ, el color y el olor ... en claveles. **Revista Horticultura**, Tarragona, n. 118, p 103-106, 1997.
- IBRAFLO. Pernambuco em flores. **Informativo Ibraflor**, Holambra, n. 25, p. 3-4, 2001.
- INFOAGRO. **El cultivo del clavel**. Disponível em: <<http://www.infoagro.com/flores/flores/clavel.htm>>. Acesso em: 26 mar. 2006.
- INDEX TO PLANT CHROMOSOME NUMBERS. Disponível em: <http://mobot.mobot.org/cgi-bin/search_vast>. Acesso em: 24 abr. 2006.
- JALAS, J.; SUOMINEN, J. **Atlas Florae Europaeae**: distribution of vascular plants in Europe. Cambridge: Cambridge University Press, 1988. 416 p.
- JOLY, A. B. **Botânica**: introdução à taxonomia vegetal. São Paulo: Ed. Nacional, 1998. 777 p.
- LARSON, R. **Introduction to floriculture**. New York: Academic Press, 1992. 636 p.
- LEVY-YAMAMORI, R.; TAAFFE, G. **Garden plants of Japan**. Portland: Timber, 2004. 440 p.
- LIEMT, G. van. **The world cut flower industry**: trends and prospects. Disponível em: <<http://www.ilo.org/public/english/dialogue/sector/papers/ctflower/index.htm>>. Acesso em: 3 abr. 2006.
- LINDGREN, D. T. **Dianthus caryophyllus**. In : ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture; Germplasm Resources Information Network; National Plant Germplasm System. Herbaceous Ornamental Crop Germplasm Committee. 1995. Disponível em: <http://www.ars-grin.gov/npgs/cgc_reports/herbscgc1995.htm>. Acesso em: 15 abr. 2006.
- LORENZI, H.; SOUZA, H. M. **Plantas ornamentais no Brasil**: arbustivas, herbáceas e trepadeiras. Nova Odessa: Plantarum, 2001. 1100 p.
- MATHEWS, N. **Carnations, pinks, sweet Williams**: wich is wich?. Disponível em: <<http://www.gardenguides.com/articles/carnations.htm>>. Acesso em: 26 mar. 2006.
- MISSOURI FLORA WEB. Disponível em: <http://www.missouriplants.com/Redopp/Dianthus_barbatus_page.html>. Acesso em: 26 mar. 2006.
- MORSE, K. **Edible flowers**: a kitchen companion with recipes. Berkeley: Ten Speed, 1995. 80 p.
- MOTOS, J. R. **Flores de corte**, 2000. 15 p. Apostila do curso sobre produção de flores, promovido pela Flortec Consultoria, Treinamento e Promoção com sede em Holambra, SP.
- OFFICE OF THE GENE TECHNOLOGY REGULATOR. **The biology and ecology of *Dianthus caryophyllus* L. (carnation)**. Australia: Australian Government, 2005. 18 p.
- PAN AMERICAN SEEDS. **Varietades nuevas para el 2004-2005**. West Chicago, 2004. 96 p.
- QUATTROCCHI, U. **CRC world dictionary of plant names**: common names, scientific names, eponyms, synonyms, and etymology. London: CRC, 1999. 864 p.
- RAMÍREZ, S. Belleza de exportación. **Revista Istmo**, México, v. 2, n. 6, p. 1-4, 2005.
- REMIGIO, M. H.; ARREBATO, M. A. R.; ZENÉN, G. R. Efecto de la aplicación de quitosana en la germinación y crecimiento del clavel (*Dianthus caryophyllus* L.). **Avances**, Pinar Del Río, v. 4, n. 2, 2002.
- SALINGER, J. P. **Commercial flower growing**. Zaragoza: Acribia, 1991. 371 p.

- SCHMIDT, L. E. **Consumer rites: the buying and selling of American holidays**. Princeton: Princeton University Press, 1997. 379 p.
- SCOVEL, G.; BEN-MEIR, H.; OVADIS, M.; ITZHAKI, H.; VAINSTEIN, A. RAPD and RFLD markers tightly linked to the locus controlling carnation (*Dianthus caryophyllus*) flower type. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 96, n. 1, p. 117-122, 1998.
- SECCO, L. Trinta anos da Revolução dos Cravos. **Revista Adusp**, São Paulo, p. 6-12. 2004.
- SNIF. Summary Notification Information Format. Modified version of the SNIF for application C/NL/04/02: submitted by Florigene concerning the carnation with modified colour. Disponível em: <http://gmoinfo.jrc.it/csnifs/C-NL-04-02_revised.pdf>. acesso em: 15 abril de 2006.
- SPARNAAIJ, L. D.; DEMMINK, J.F. Carnations of the future. **Acta Horticulturae**, San Diego, v. 141, p. 17-24. 1983.
- STOYLES, P.; DEMANT, D.; PENTLAND, P. **Genetic engineering**. Minnesota: Smart Apple Media, 2003. 32 p.
- TIERRA, L. G. **Healing with Chinese herbs**. Freedom: Crossing Press, 1997. 206 p.
- TRINKLEIN, D. Dianthus: new acclaim for an old favorite. **Missouri Environment and Garden**, Columbia, v. 10, n. 7, 2004.
- VANDEVEER, C. **What color became the name of a flower?** 2002. Disponível em: <<http://www.killerplants.com/whats-in-a-name/20020524.asp#read>>. Acesso em: 26 mar. 2006.
- WARD, B. J. **A contemplation upon flowers: garden plants in myth and literature**. Portland: Timber, 1999. 446 p.
- ZUKER, A.; SHKLARMAN, E.; SCOVEL, G.; BEN-MEIR, H.; OVADIS, M.; NETA-SHARIR, I.; BEN-YEPHET, Y.; WEISS, D.; WATAD, A.; VAINSTEIN A. Genetic engineering of agronomic and ornamental traits in carnation. **Acta Horticulturae**, Tampere, v. 560, p. 91-94, 2001.



F eijão

Sua história e seu futuro

Foto: Emerson Ferreira



F Feijão

Irajá Ferreira Antunes

A sobrevivência é provavelmente a força mais significativa a impulsionar o homem na busca de soluções para seus problemas.

O alimento, nesse contexto, apresenta-se como o elemento natural basilar na garantia da sobrevivência. Dessa forma, o homem primitivo teve de priorizar suas ações no meio selvagem em que vivia, na identificação de formas de alimento que fossem condizentes com esse meio e que garantissem uma continuidade na suplementação dos nutrientes necessários à manutenção da vida. Uma de suas grandes conquistas na direção de sua manutenção como espécie na face da Terra foi a domesticação de espécies de plantas, que pode ser traduzida como a submissão gradual de espécies silvestres à sua vontade, até o ponto extremo de perderem sua capacidade de subsistir sem a participação do ser humano. Expressa de outra forma, a domesticação é o resultado de alterações físicas que as plantas sofrem no processo de adaptação ao cultivo humano.

Até cerca de uma década atrás, era um pensamento generalizado entre arqueólogos que a agricultura teria surgido de forma abrupta, decorrente do rompimento com a forma tradicional de sobrevivência, que era embasada no binômio caça-coleta de alimentos.

Atualmente novas descobertas sugerem que a domesticação era antecedida por duas fases: a inicial, extrativista, em que o homem explorava o alimento que encontrava na natureza, ofertado por espécies silvestres; e outra, posterior, em que o homem passou a praticar o cultivo dessas mesmas espécies silvestres. Dessa forma, o processo completo de domesticação se estendeu, provavelmente, por milhares de anos (BALTER, 2007).

Entre as espécies de plantas que foram incorporadas ao arsenal de sobrevivência, o qual tem garantido a permanência do homem nos mais diversos e inóspitos ambientes encontrados no globo, estão aquelas que produzem grãos e, entre essas espécies, em especial, estão as leguminosas, que constituem uma família de plantas denominada Fabaceae. Nessa família, há um grupo muito importante na alimentação, o qual se destaca dos demais, cujo produto que fornece recebe o nome genérico de feijão.

Na família Fabaceae, as espécies de grãos mais importantes, ou ainda, os feijões mais importantes para a alimentação humana, estão classificados no gênero *Phaseolus*, que compreende cinco espécies utilizadas no mundo como alimento. Dessas cinco espécies, *Phaseolus vulgaris* L. é a mais consumida.

No Brasil, *Phaseolus vulgaris* é conhecida simplesmente como feijão. É a principal leguminosa de grãos na dieta do povo brasileiro, que também consome em quantidades menos significativas outros feijões, como o feijão-caupi, também conhecido como feijão-macassar, feijão-de-corda ou feijão-fradinho – cujo nome científico é *Vigna unguiculata* (L.) Walp. – e o feijão-de-lima, também chamado de feijão-fava, cujo nome científico é *Phaseolus lunatus* L.

Nos meios acadêmicos, o feijão tem sido denominado também como feijão-comum, feijoeiro comum e feijoeiro, o que dificulta o diálogo, na medida em que possibilita o uso de diferentes termos para a mesma espécie, que, no caso brasileiro, possui destacada importância e, conseqüentemente, popularidade nas diversas camadas sociais. A adoção do termo único “feijão” para *Phaseolus vulgaris* – mantendo termos adicionais para caracterizar as demais espécies – em muito contribuiria para elevar o feijão ao status que merece como a leguminosa de principal aporte protéico para a população brasileira.

Importância como alimento

O feijão é um alimento que se tornou característico da dieta do brasileiro. Junto com o arroz, constitui o prato mais popular no País, principalmente para as camadas de baixa renda da população. O reflexo da importância do feijão para o povo brasileiro traduz-se no fato de que o País é o maior produtor e também o maior consumidor mundial do grão. O significado dessa importância está na produção anual, que supera os 3 milhões de toneladas. Além da produção, a área cultivada e a produtividade nos últimos dez anos podem ser observadas na Tabela 1.

Em termos nutricionais, o feijão é a fonte mais importante de proteínas e a segunda fonte de carboidratos, sendo superado apenas pelo arroz. O balanço de aminoácidos resultante do consumo de arroz (integral) com feijão é excelente, pois as deficiências existentes em cada um desses alimentos são reciprocamente compensadas pelo outro. O feijão é deficiente em termos de aminoácidos sulfurados, como a metionina, mas é rico em lisina. Com o arroz, no entanto, ocorre exatamente o contrário.

Além de proteínas e carboidratos, o feijão é um fornecedor de vitaminas, minerais e fibras alimentares, que resultam em efeitos fisiológicos importantes para a saúde humana,

como os efeitos hipocolesterolêmico e hipoglicêmico, ambos promovidos pelas fibras (LAJOLO et al., 1996).

Nos últimos anos, tem sido observado que, nas populações urbanas, tem aumentado a frequência de certas doenças que resultam, provavelmente, das condições estressantes a que são submetidas quotidianamente. Entre essas doenças, salientam-se a diabetes, as doenças cardiovasculares, a obesidade e o câncer intestinal (AZEVEDO et al., 2003). As fibras alimentares se têm revelado capazes de reduzir o risco de ocorrência dessas doenças, como resultado da combinação das seguintes ações fisiológicas: aumento do bolo fecal e do trânsito intestinal, ligação com ácidos biliares, sua transformação em ácidos graxos de cadeia curta no intestino e aumento da viscosidade.

Tabela 1. Área, produção e rendimento médio na cultura do feijão no Brasil, no período de 1990–1991 a 2006–2007.

Safra	Área (1.000 ha)	Produção (1.000 t)	Rendimento (kg.ha ⁻¹)
1990–1991	5.504,2	2.807,7	510
1991–1992	5.482,4	2.902,5	529
1992–1993	4.458,5	2.379,0	534
1993–1994	5.644,4	3.244,3	575
1994–1995	5.504,8	3.157,8	574
1995–1996	5.272,9	3.038,6	576
1996–1997	4.919,0	2.914,8	593
1997–1998	3.997,5	2.231,6	558
1998–1999	4.617,2	2.895,7	627
1999–2000	4.308,8	3.097,9	719
2000–2001	3.878,7	2.592,4	688
2001–2002	4.269,7	2.983,0	699
2002–2003	4.378,7	3.205,0	732
2003–2004	4.287,4	2.978,3	695
2004–2005	3.949,2	3.045,5	771
2005–2006	4.223,6	3.471,2	822
2006–2007	4.179,4	3.351,3	802

Fonte: [www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/feijão](http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/feijao).

As fibras alimentares possuem duas frações: a solúvel e a insolúvel. A diminuição no tempo de permanência do bolo fecal no intestino e o volume do mesmo estão ligados às fibras insolúveis. A ligação a ácidos biliares está associada à fração solúvel, formada por pectinas e hemiceluloses, que

são transformadas no intestino grosso em ácidos graxos de cadeia curta. A fibra solúvel também é a responsável pelo aumento da viscosidade das paredes internas do intestino e pela conseqüente redução dos processos que resultam em digestão e absorção. Os efeitos derivados do elevado teor de fibras na dieta alimentar, em associação com a baixa velocidade de digestão do amido, resultam em efeitos fisiológicos interessantes no controle de diabetes e hiperlipidemias.

O feijão está entre os poucos alimentos integrais que contêm uma quantidade significativa dos dois tipos de fibra mencionados, colocando-o como apto a desencadear todos os processos acima referidos. Além disso, preconizam os nutricionistas, hoje em dia, deve haver uma maior limitação sobre a ingestão de lipídios, com o concomitante aumento na ingestão de carboidratos complexos, como o amido. Também nesse caso, o feijão se apresenta como excelente opção, considerando o baixo teor de lipídios e o alto teor de carboidratos complexos presentes em seus grãos. Estudos relatados em trabalho da Colorado State University (1993) revelam que dietas de pacientes acometidos de diabetes ou portadores de alto teor de colesterol no sangue, quando acrescidas de feijão, resultaram na diminuição de até 20 % no teor de colesterol no sangue, bem como na redução significativa do teor de açúcar. Relatam esses trabalhos que a ingestão de feijão, que, pelo seu teor de fibras, resulta em um efeito de “enchimento”, tende a reduzir a ingestão de outros alimentos, atuando como importante coadjuvante.

Segundo a Food and Agriculture Organization (FAO), de acordo com a dieta que seria recomendada para o ser humano, o consumo de 60 g de feijão por dia (equivalentes a 22 kg/ano), considerado como moderado, forneceria 27 % da proteína, 10 % do cálcio, 60 % do ferro, 14 % e 8 % das vitaminas tiamina e niacina, respectivamente, e 10 % do total das calorias que seriam necessários em um dia.

Mais recentemente, novas e importantes características nutricionais do feijão foram descobertas. Uma dessas é a riqueza em antocianinas, principalmente em feijões de grãos pretos (CHOUNG et al., 2003), compostos que apresentam ação antioxidante em níveis comparáveis àqueles encontrados em uvas (AZEVEDO et al., 2003). Além disso, o feijão constitui-se em excelente fonte de molibdênio. Esse elemento químico compõe a enzima sulfito oxidase que desempenha um importante papel na desintoxicação de sulfitos, sais esses que têm sido comumente utilizados como conservantes na indústria de alimentos e podem provocar taquicardias, cefaléias, ou desorientação em pessoas sensíveis (THE WORLD'S HEALTHIEST FOODS, 2006).

O feijão pode ser consumido de inúmeras formas: como grãos secos, a mais comum no Brasil, a partir dos quais se prepara a tradicional feijoada; como grãos verdes, retirados das vagens ainda imaturas; como vagens verdes, cuja exploração, no Brasil, corresponde ao feijão-vagem, feijão-de-vagem ou, simplesmente, vagem; e, finalmente, nas regiões mais elevadas do Peru e da Bolívia, como grãos tostados, que rebentam como milho de pipoca quando aquecidos. Este último tipo é conhecido naquelas regiões como *ñuña* ou *poroto* (VOYSEST, 2000).

Taxonomia e citogenética

Botanicamente, o feijão (*Phaseolus vulgaris*) é classificado como pertencente à ordem Rosales, família Fabaceae (Leguminosae), subfamília Faboideae (*Papilionoideae*), tribo Phaseolae e gênero *Phaseolus*.

O gênero *Phaseolus* compreende um número ainda não definido de espécies. De acordo com Debouk (1999), seriam 54, enquanto revisões de Lackey (1983) e Delgado Salinas (1985) apontam para 36 e 31 espécies, respectivamente.

Entre essas espécies, além de *Phaseolus vulgaris*, quatro outras são cultivadas: feijão-de-lima ou feijão-fava

(*P. lunatus*); feijão-tepari (*P. acutifolius* A. Gray); feijão ayocote (*P. coccineus* L.) e *P. polyanthus* Greenman.

O pool gênico primário de *P. vulgaris* compreende, além das formas cultivadas (em número superior a 29.000), as formas silvestres (em número superior a 1.300). Estas últimas ocorrem nas Américas do Norte (México), Central e do Sul, constituindo três pools gênicos geográficos: o Mesoamericano e o Andino-Sul, que foram os primeiros reconhecidos, e um terceiro pool gênico localizado na região andina do norte (ao norte do Peru e sul do Equador), que constitui o pool gênico Intermediário.

O pool gênico secundário é constituído pelas seguintes espécies: a) *P. costaricensis* Freytag e Debouck, de que são conhecidas apenas quatro formas silvestres; b) *P. polyanthus* Greenm., que possui formas silvestres e cultivadas; c) *P. coccineus*, que também possui formas silvestres e cultivadas (DEBOUCK, 1999).

O pool gênico terciário é constituído por *P. acutifolius*, *P. parvifolius* Freytag e *P. filiformis* Benth. A primeira possui formas cultivadas e silvestres e as duas últimas, apenas formas silvestres.

Phaseolus vulgaris é uma espécie considerada como autógama, anual, diplóide ($2n=2x=22$) e com um genoma pequeno (635 mbp – Gepts, 1999). Em virtude do pequeno tamanho de seus cromossomos, tanto na mitose como na meiose, as análises citológicas são difíceis. A maioria de seus cromossomos são metacêntricos ou submetacêntricos (MARECHAL, 1970).

Distribuição geográfica

A importância que o feijão adquiriu como alimento no mundo está diretamente relacionada à sua distribuição geográfica.

Atualmente, com exceção da Antártica, o feijão é cultivado em todos os continentes. Essa distribuição ampla deve-se muito aos navegadores portugueses e espanhóis, que o disseminaram no final do século 15 e início do século 16, após a descoberta da América.

Nas Américas, os maiores produtores são o Brasil, os Estados Unidos e o México. Na África, onde foi introduzido no século 16 por comerciantes portugueses, o feijão é a leguminosa de grão mais importante nas regiões leste e sul. Nessas regiões, Quênia, Uganda, Tanzânia, Ruanda e Burundi são os países mais importantes na produção em áreas mais elevadas, com temperaturas mais baixas, e Congo, Etiópia e diversos países do sul do continente, em áreas de média elevação em que as temperaturas são mais elevadas (AFRICANCROPS.NET, 2006).

Na Ásia, os países que mais produzem feijão são a China, que é uma grande exportadora, o Irã, o Japão e a Turquia.

Na Europa, a produção situa-se mais ao leste. Os maiores países produtores são a Bielo-Rússia, a Turquia, a Sérvia-Montenegro, a Romênia e a Ucrânia.

Na América Latina, há uma grande variação na preferência dos diferentes tipos de grãos. Essa variação prende-se a características morfológicas dos mesmos, que vão desde o tamanho até a forma, passando pelo brilho e pela cor do tegumento.

De maneira geral, no México, na Colômbia, no Equador, no Peru e no Chile, os tipos preferidos para consumo são os grãos de tamanho grande (com uma massa de 100 sementes acima de 40 g). Obviamente, há exceções dentro de cada país. Dessa forma, são encontrados tipos pequenos e pretos no sul do México; brancos na Colômbia, no Equador, no Peru e no Chile; além de beges, vermelhos e amarelos no Peru e pretos na Argentina, onde a produção é basicamente para exportação. Na região do Caribe, com exceção de Cuba e de pequenas áreas da República Dominicana e do Haiti, que consomem grãos pretos

pequenos, os tipos predominantes possuem grãos grandes, de origem andina, com colorações vermelha, rosa e bege, com pontuações ou estrias de cores diferentes (SINGH, 1999). Na América Central, na Venezuela e no Brasil, os tipos de grãos pequenos são os preferidos.

No Brasil, em termos de tipos de grão, as preferências regionais do consumidor são bastante diferenciadas. Assim, o feijão-preto é predominantemente consumido na Região Sul (Rio Grande do Sul, Santa Catarina e sul do Paraná), no Rio de Janeiro, no sul do Espírito Santo e na Zona da Mata de Minas Gerais. Já os feijões de grãos do tipo roxo são preferidos na Região Centro-Oeste e em São Paulo, enquanto os cremes predominam no Nordeste. O tipo carioca, que compreende grãos de coloração bege com estrias marrons, com uma massa de grãos em torno de 23 g por 100 sementes, conquistou o mercado consumidor após o aparecimento da cultivar Carioca, no Estado de São Paulo. Sua aceitação adquiriu dimensão nacional, levando os melhoristas a dedicarem seus esforços na obtenção de novas cultivares com esse tipo de grão, com objetivos que incluíram principalmente a resistência a doenças e plantas com porte ereto. Entretanto, o consumo regionalizado não condiciona necessariamente a regionalização da produção. Isso significa que um determinado tipo pode ser pouco consumido em uma dada região, mas sua produção ser elevada por ser exportado para outra região do País. Exemplo dessa situação observou-se no Rio Grande do Sul, na década de 1990, em que aproximadamente 30 % da produção era de grãos do tipo carioca, sendo, em quase sua totalidade, exportados para São Paulo. Ademais, o Rio de Janeiro, embora sendo um grande consumidor de feijão-preto, praticamente nada produz. Verifica-se um grande movimento de grãos entre regiões, como o que acontece nas regiões Nordeste e Sul, de onde saem grandes volumes para abastecer os grandes centros consumidores, que são os estados do Rio de Janeiro (principalmente de feijão-preto) e de São Paulo, que consome grãos de cor, principalmente, do tipo carioca.

Origem, domesticação e evolução

Atualmente é aceito que o feijão tem sua origem no continente americano. Tal conceito, entretanto, apenas recentemente adquiriu ampla aceitação. Cientistas renomados no século 19 pregavam ser sua origem desconhecida (DE CANDOLLE, 1882) ou, ainda, que se situava na Índia (LINNAEUS, 1957). A comunidade científica somente passou a contestar as afirmativas anteriores no final do século 19, quando Wittmack, citado por Gepts e Debouck (1991), após análise de registros arqueológicos encontrados no Peru e nos Estados Unidos, apontou as Américas como o correto local de origem.

A unanimidade foi conquistada após a Segunda Guerra Mundial, quando populações de feijão silvestre foram encontradas na Argentina (BURKART; BRÜCHER, 1953) e na Guatemala (MCBRYDE, 1947), e registros arqueológicos antigos foram localizados em diversos pontos do continente (KAPLAN; KAPLAN, 1988).

Na América do Sul, as evidências arqueológicas mais antigas encontradas até o momento são as da caverna de Guitarrero, situadas em Callejón de Huaylas, ao longo da seção central do vale do Rio Santa, Estado de Ancash, no Peru, datadas de 8 a 10 mil anos (KAPLAN et al., 1973), e as de Huachichocana, na província de Jujuy, na Argentina (TARRAGÓ, 1980). No México, no Vale do Tehuacán, Estado de Puebla, essas evidências são de aproximadamente 6 mil anos (KAPLAN, 1967). A distribuição das populações de feijões silvestres nas Américas pode ser vista na Fig. 1.

Estudos conduzidos nas três últimas décadas acumularam evidências botânicas, históricas e lingüísticas adicionais que sustentam essa linha de pensamento. A esses estudos, soma-se a importante contribuição que tem sido aportada pela biologia molecular, especialmente pelo uso de marcadores moleculares, os quais possibilitaram evidenciar relações genéticas entre populações de diversas origens,

silvestres ou domesticadas, que dificilmente seriam estabelecidas com base apenas em características fenotípicas (GEPTS, 1998).

É reconhecido atualmente que a diversidade genética do feijão pode ser agrupada em três principais pools gênicos geográficos, de acordo com análises genéticas, tendo como base isozimas, faseolina e RAPD (Random Amplified Polimorphic DNA) de feijões silvestres. São eles o pool gênico Mesoamericano, que inclui populações do México, América Central e Colômbia; o pool gênico Andino-Sul, compreendendo populações do sul do Peru, da Bolívia e da Argentina e o pool gênico Intermediário, composto por populações encontradas no Equador e no norte do Peru.



Fig. 1. Distribuição de populações de feijões silvestres no continente americano (áreas circunscritas).

Fonte: Adaptado de Gepts; Debouck (1991).

O pool gênico Intermediário obteve reconhecimento mais recente (DEBOUCK et al., 1993; FREYRE et al., 1996), e os trabalhos de Kami et al. (1995) levaram ao entendimento de que populações a ele pertencentes se constituem, na

verdade, em formas ancestrais, das quais se teriam derivado os pools gênicos Mesoamericano e Andino.

Quanto à domesticação, a informação atualmente disponível é divergente. Uma das correntes defende a idéia de que as cultivares de feijão resultariam de um processo de domesticação múltipla, ocorrida nas Américas. Essa múltipla domesticação teria acontecido de forma independente nos pools gênicos Mesoamericano, Andino e Intermediário, daí resultando em dois centros primários de domesticação localizados na América Central e no sul do Peru, respectivamente, e em um terceiro centro, localizado na Colômbia (GEPTS; DEBOUK, 1991). Por sua vez, Freitas (2006) sugere que a origem do feijão é resultado de um evento único, ou seja, haveria um único centro de origem, abrangendo desde o México até a Colômbia e o Equador, e vários centros de diversidade.

O isolamento que se teria estabelecido entre os pools gênicos Mesoamericano e Andino, que teriam derivado do pool gênico Intermediário localizado no sul do Equador e no norte do Peru, teria levado ao isolamento reprodutivo parcial existente entre ambos (KOINANGE; GEPTS, 1992; SHII et al., 1981; SINGH; MOLINA, 1996). Da mesma forma, após o isolamento, teria ocorrido uma grande diversificação dentro desses dois pools gênicos. A subsequente domesticação, igualmente independente, dentro de cada um deles, resultou na posterior formação de raças ecogeográficas (BEEBE et al., 2000; SINGH et al., 1991a, 1991b, 1991c). Exemplos dessas raças ecogeográficas, posteriormente, foram dispersadas para outras regiões do globo, até mesmo para o Brasil (GEPTS, 2006), onde seu desenvolvimento como alimento redundou em volume de produção muito superior àquele encontrado nas áreas onde os centros de domesticação se localizam.

A comparação entre os ancestrais silvestres e os tipos domesticados revela marcantes diferenças que, em seu conjunto, são conhecidas como “síndrome da domesticação”.

Tais diferenças resultam de características que distinguem plantas domesticadas de plantas silvestres, que foram selecionadas durante o processo de domesticação. Essas características podem ser de natureza morfológica, fisiológica e genética. Entre as diferenças morfológicas, podem ser citadas aquelas relativas à raiz, ao caule, ao comprimento dos entrenós, ao tamanho das folhas, à altura da planta, à posição das inflorescências, à flor, à vagem e à semente. Essas diferenças encontram-se na Tabela 2.

Tabela 2 . Características morfológicas de feijões silvestres e domesticados.

Parte da planta/ característica	Feijão silvestre	Feijão domesticado
Raiz	Fibrosa Fasciculada	Fibrosa Tamanho e forma de acordo com o hábito de crescimento
Caule	Trepador Muitos nós	Trepador ou arbustivo Muitos (20 a 30) ou poucos (até 3) nós
Entrenós	Em geral, longos (10 cm a 20 cm)	Longos ou curtos (2 cm a 5 cm)
Folhas	Folíolos pequenos ou de tamanho médio	Folíolos de pequenos a grandes
Altura de planta Inflorescência	De 2 m a 5 m Em geral, laterais com 1 a 2 nós férteis	De 20 cm a 10 m Laterais ou terminais de acordo com o hábito de crescimento Freqüentemente com 2 nós férteis
Flor	Existência de estandartes retorcidos Rara presença de asas brancas	Estandartes eretos Asas brancas comuns
Vagem	Fortemente deiscente 6 cm a 8 cm de comprimento 5 a 8 lóculos	Deiscentes em cultivares em que o grão é o produto comercial, e indeiscentes naquelas em que a vagem é o produto comercial 4 cm a 30 cm de comprimento 2 a 6 lóculos
Semente	Pequenas, com 6 g a 14 g por 100 sementes	Pequenas e grandes, com 20 g a 100 g por 100 sementes

Fonte: Adaptado de Gepts; Debouck (1991).

O hábito de crescimento é uma característica marcante no feijão cultivado. Enquanto os tipos silvestres possuíam apenas plantas de hábito trepador, que usavam arbustos ou árvores como suportes e, em dado momento, o milho, os tipos domesticados evoluíram com o fim de apresentar uma arquitetura do tipo arbustivo. Essa evolução de um tipo trepador para um tipo arbustivo ocorreu tanto no centro Andino como no centro Mesoamericano de domesticação.

Outra importante característica que distingue feijões cultivados de silvestres é o tamanho da semente. A seleção realizada por produtores e consumidores resultou em cultivares com maiores vagens e sementes, estas últimas com grande variação de cores. O aumento no tamanho da semente está relacionado com o aumento no tamanho das folhas, possivelmente pela presença de efeitos pleiotrópicos.

Dispersão

As evidências científicas que apontam as rotas de dispersão do feijão no mundo, após a sua domesticação, baseiam-se na diversidade genética que apresenta a proteína faseolina (GEPTS, 1998; GEPTS; BLISS, 1988).

Esses trabalhos mostraram que as cultivares existentes na América Central exibem, predominantemente, o tipo de faseolina S, enquanto as cultivares andinas apresentam o tipo T. Os tipos silvestres existentes nessas regiões apresentam os mesmos tipos de faseolina.

Após a domesticação, aparentemente, tanto os tipos mesoamericanos como os andinos foram disseminados de modo semelhante. Assim, ambos atingiram a América do Sul e a África, embora questões predominantemente culturais tenham levado à predominância diferenciada nessas regiões. Os tipos mesoamericanos predominam na América do Sul (com exceção da região andina) e no sudoeste dos Estados Unidos, enquanto os tipos andinos predominam na África, na Europa e no nordeste dos Estados Unidos.

Os tipos mesoamericanos, que predominam no Brasil, provavelmente resultaram de uma rota iniciada no México ou na Guatemala, passando pela Colômbia e pela Venezuela.

Mais recentemente, grupos de imigrantes oriundos do arquipélago dos Açores, ao chegarem ao Brasil, trouxeram

consigo vários tipos de feijão, seguramente possuindo diferentes conformações genéticas, resultantes de um longo processo de adaptação às condições ambientais presentes naquela região.

Perspectivas

Na esfera mundial, o futuro dos programas de melhoramento de feijão dependerá, em muito, do nível de disponibilidade que for dado ao germoplasma que se encontra distribuído nas diversas regiões do planeta, principalmente nos países em desenvolvimento.

Ainda que países desenvolvidos, como os Estados Unidos, o Japão e os da Europa Ocidental consumam feijão e, até mesmo, estejam, em alguns casos, tendendo a aumentar a taxa de consumo, é nos países mais pobres, principalmente latino-americanos, que se encontra a maior diversidade genética.

A grande diversidade existente deve-se, primeiro, ao fato de que é nesses países que se encontram os ancestrais silvestres do feijão e, segundo, porque é neles que estão as maiores áreas de cultivo, fragmentadas em um número muito grande de pequenas propriedades, que se localizam em uma ampla gama de ambientes. O resultado da amplitude de condições ambientais é a presença das mais variadas interações de fatores edáficos e climáticos, que impõem pressões de seleção favorecendo os alelos que melhor condicionam a adaptação nessas condições, as quais, na maioria das vezes, são únicas. Esses alelos, que favorecem o processo adaptativo, podem exercer sua influência no condicionamento frente a problemas bióticos e abióticos, exemplos que são dados pela resistência a doenças fúngicas e a condições de deficiência hídrica, encontradas em cultivares crioulas. Ao mesmo tempo, essas fontes se renovam como resultado do processo de coevolução com os variados ambientes em que são cultivadas nos diversos países latino-americanos.

Esse germoplasma possui um alto valor intrínseco para os programas de melhoramento de feijão de países desenvolvidos, nos quais a concentração da produção em propriedades com grandes áreas, em comparação com aquela de países em desenvolvimento, limita a obtenção de recombinantes que possam ser usados como fontes de resistência aos fatores adversos. Ao mesmo tempo, a pressão do mercado por novas cultivares ou, ainda, a necessidade das empresas disponibilizarem novas cultivares como estratégia de marketing fazem com que a busca por novos alelos torne-se mais eficiente, visto que é feita a partir do germoplasma existente em poder dos países ricos em diversidade, cujo acesso torna-se mais fácil por meio do uso de coleções existentes em centros internacionais de pesquisa ou mesmo em coleções nacionais devidamente caracterizadas.

Referências

AFRICANCROPS.NET. **Background information on common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Disponível em: <<http://www.africancrops.net/rockefeller/crops/beans/index.htm>>. Acesso em: 12 maio 2006.

AZEVEDO, L.; GOMES, J. C.; STRINGHETA, P. C.; GONTIJO, A. M.; PADOVANI, C. R.; RIBEIRO, L.R.; SALVADORI, D.M. Black bean (*Phaseolus vulgaris* L.) as a protective agent against DNA damage in mice. **Food and Chemical Toxicology**, Amsterdam, v. 41, p. 1.671-1.676, 2003.

BALTER, M. Seeking agriculture's ancient roots. **Science**, Washington, v.316, p. 1.830-1.837, 2007.

BEEBE, S. E.; SKROCH, P. W.; THOME, J.; DUQUE, M. C.; PEDRAZA, F.; NIENHUIS, J. Structure of genetic diversity among common bean landraces of Middle American origin based on correspondence analysis of RAPD. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 264-273, 2000.

BURKART, A.; BRÜCHER, H. *Phaseolus aborigineus* Burkart, die mutmassliche andine Stammform der kulturbohne. **Der Züchter**, v. 23, p. 65-72, 1953.

CHOUNG, M. G.; CHOI, B. R.; AN, Y. N.; CHU, Y. H.; CHO, Y. S. Anthocyanin profile of Korean cultivated kidney bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, Easton, v. 51, p. 7.040-7.043, 2003.

COLORADO STATE UNIVERSITY. **Colorado dry bean production and IPM Bulletin**. Fort Collins. 1993. 43 p.

DEBOUCK, D. G. Diversity in *Phaseolus* species in relation to the common bean. In: SINGH, S. P. (Ed.). **Common bean improvement in the twenty-first century**. Dordrecht: Springer, 1999. p. 25-52.

- DEBOUCK, D. G.; TORO, O.; PAREDES, O. M.; JONHSON, W. C.; GEPTS, P. Genetic diversity and ecological distribution of *Phaseolus vulgaris* (Fabaceae) in northwestern South America. **Economic Botany**, New York, v. 47, p. 408-423, 1993.
- DE CANDOLLE, A. **The origin of cultivated plants**. New York: D. Appleton, 1882. 468 p.
- DELGADOSALINAS, A. **Systematics of the genus Phaseolus (Leguminosae) in North and Central America**. 1985. 210 f. Tese (PhD) – University of Texas, Austin, USA.
- FREITAS, F. O. Evidências genético-arqueológicas sobre a origem do feijão comum no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, p. 1.100-1.203, 2006.
- FREYRE, R.; RIOS, R.; GUZMÁN, L.; DEBOUCK, D. G.; GEPTS, P. Ecogeographic distribution of *Phaseolus* spp. (Phabaceae) in Bolivia. **Economic Botany**, New York, v. 50, p. 195-205, 1996.
- GEPTS, P.; BLISS, F. A. Dissemination pathways of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae) deduced from phaseolin eletroforetic variability. II. Europe and Africa. **Economic Botany**, New York, v. 42, p. 86-144, 1988.
- GEPTS, P.; BLISS, F. A. F1 hybrid weakness in the common bean: differential geographic origin suggests two gene pools in cultivated bean germplasm. **Journal of Heredity**, Washington, v. 76, p. 447-450, 1985.
- GEPTS, P.; DEBOUCK, D. G. Origin, domestication and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. **Common beans research for crop improvement**. Wallingford: CAB International; Cali: CIAT, 1991. p. 7-53.
- GEPTS, P. Development of an integrated linkage map. In: SINGH, S. P. (Ed.). **Common bean improvement in the twenty-first century**. Dordrecht: Springer, 1999. p. 53-92.
- GEPTS, P. **Management of germplasm and pre-breeding in common beans**. 2006. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/conafe/pdf/palestra08.pdf>>. Acesso em: 15 maio 2007.
- GEPTS, P.; OSBORN, T. C.; RASHKA, K.; BLISS, F. A. Phaseolin protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. **Economic Botany**, New York, v. 40, p. 451-468, 1986.
- GEPTS, P. What can molecular markers tell us about the process of domestication in common bean? In: DAMANIA, A. B.; VALKOUN, J.; WILLCOX, G.; QUALSET, C. O. (Ed.). **The origins of agriculture and crop domestication**. Aleppo: ICARDA, 1998. p. 198-207.
- KAMI, J.; BECERRA VELÁSQUEZ, V.; DEBOUCK, D. E.; GEPTS, P. Identification of presumed ancestral DNA sequences of phaseolin in *Phaseolus vulgaris*. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 92, p. 1.101-1.104, 1995.
- KAPLAN, L. Archaeological *Phaseolus* from Tehuacán. In: BEYERS, D. (Ed.). **The prehistory of the Tehuacán Valley: environment and subsistence**. Austin: University of Texas, 1967. v. 1. p. 201-211.
- KAPLAN, L. *Phaseolus* in archaeology. In: GEPTS, P. (Ed.). **Genetic resources of Phaseolus beans: the maintenance, domestication, evolution, and utilization**. Dordrecht: Kluwer, 1988. p. 125-142.
- KAPLAN, L; LYNCH, T. F; SMITH JUNIOR., C. E. Early cultivated beans (*Phaseolus vulgaris*) from an intermontane Peruvian Valley. **Science**, Washington, v. 179 p. 76-77, 1973.
- KOINANGE, E. M. K.; GEPTS, P. Hybrid weakness in wild *Phaseolus vulgaris* L. **Journal of Heredity**, Washington, v. 83, p. 135-139, 1992.
- LACKEY, J. A. A review of generic concepts in American Phaseolinae (Fabaceae, Faboideae). **Iselya**, Madison, v.2, p. 21-64, 1983.

LAJOLO, F. M.; GENOVESE, M. I.; MENEZES, E. W. Qualidade nutricional. In: ARAÚJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. de O. (Coord.). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p. 23-33.

LINNAEUS, C. **Species Plantarum**. A facsimile (1957–59) of the first edition (1753). London: Ray Society, 1957. 288 p.

MARECHAL, R. Données cytologiques sur les espèces de la Sous – tribu des Papilionaceae – Phaseoleae – Phaseolinae. **Bulletin du Jardin Botanique National de Belgique**, Deuxième serie, Meise, v. 40, p. 307-348, 1970.

MCBRYDE, F. W. **Cultural and historical geography of Southwest Guatemala**. Washington: Smithsonian Institution, 1947. v. 4. 184 p.

SHII, C. T.; MOK, M. C.; MOK, D. W. S. Developmental controls of morphological mutants of *Phaseolus vulgaris*. L. Diferencial expression of mutant loci in plant organs. **Developmental Genetics**, v. 2, p. 279-290, 1981.

SINGH, S. P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris* L. - Fabaceae). **Economic Botany**, New York, v. 45, p. 379-96, 1991c.

SINGH, S. P.; GUTIÉRREZ, J. A.; MOLINA, A.; URREA, C.; GEPTS, P. Genetic diversity in cultivated common beans: II. Markers based analysis of morphological and agronomic traits. **Crop Science**, Madison, v. 31, p. 23-29, 1991b.

SINGH, S. P. Integrated genetic improvement. In : SINGH, S. P. (Ed.). **Common bean improvement in the twenty-first century**. Dordrecht: Springer, 1999. p.133-165.

SINGH, S. P.; MOLINA, A. Inheritance of crippled trifoliolate leaves occurring in interracial crosses of common bean and Its relationship with hybrid dwarfism . **Journal of Heredity**, Washington, v. 87, p. 464-469, 1996.

SINGH, S. P.; NODARI, R.; GEPTS, P. Genetic diversity in cultivated common beans I. allozymes. **Crop Science**, Madison, v. 31, p. 19-23, 1991a.

TARRAGÓ, M. N. El proceso de agriculturización en el Noroeste Argentino, zona Valliserrana. In: CONGRESO NACIONAL DE ARQUEOLOGÍA ARGENTINA, 5., 1980, San Juan. **Actas...** San Juan: Instituto de Investigación Arqueológicas y Museo: Universidad de San Juan, 1980. p. 181-217.

VOYSEST, V. O. **Mejoramiento genético del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.): legado de variedades de América Latina 1930-1999**. Cali: CIAT, 2000. 195 p.

THE WORLD'S HEALTHIEST FOODS. **Black beans**. Disponível em: <<http://www.whfoods.com/genpage.php?pfrien...HPSESSID=d6a4f446be2aa87195dad216c3b18b>>. Acesso em: 18 ago. 2006.



F umo

Espécie repleta de história

Foto: Emerson Ferreira



Fumo

Claudir Lorencetti
Irno Luiz Mallmann
Mariangela dos Santos

O fumo é uma importante cultura para diversos países. Milhões de pessoas de países como China, Brasil, Estados Unidos, Índia, entre outros, dependem da fumicultura para sua sobrevivência. Os maiores produtores de fumo são China, Brasil, Índia e Estados Unidos, respectivamente. Essa ordem é modificada ao ser considerada a exportação, em que o Brasil é o maior exportador, seguido pelos EUA e pela China, respectivamente. A Tabela 1 evidencia os maiores produtores, exportadores e importadores de fumo, assim como o total mundial produzido (ESTADOS UNIDOS, 2005).

A produção brasileira de fumo tem variado nos últimos anos. Em 2005, as vendas para o exterior superaram 600 mil toneladas. Em 2004, foram exportadas mais de 550 mil toneladas, que geraram receita de US\$ 1,49 bilhão; em 2003, chegaram a 465 mil toneladas, com receita de US\$ 1,13 bilhão. Atualmente, o Brasil exporta cerca de 85 % da sua produção para mais de 100 países. Entre os principais compradores

estão a União Européia (40 % do total), o Extremo Oriente (23 %), o Leste Europeu (13 %), a América do Norte (13 %) e, ainda, a África, o Oriente Médio e a América Latina. Entre todos os países, os Estados Unidos são o maior cliente (ANUÁRIO..., 2005).

Tabela 1. Principais países produtores, exportadores e importadores de fumo, em mil toneladas.

País	Ano				
	2000	2001	2002	2003	2004
Produção (mil toneladas)					
China	2.295	1.997	2.080	1.918	2.014
Brasil	493	442	551	516	757
Índia	599	530	592	595	598
Estados Unidos	408	405	358	339	358
Malawi	90	37	124	121	138
Indonésia	157	146	145	135	135
Total mundial	6.097	5.552	5.723	5.371	5.735
Exportação (mil toneladas)					
Brasil	342	436	476	466	564
China	113	140	141	146	157
Estados Unidos	180	186	153	155	164
Malawi	101	110	124	121	138
Itália	101	110	119	121	110
Turquia	101	96	89	108	100
Total mundial	1.962	2.071	2.108	2.097	2.104
Importação (mil toneladas)					
Rússia	285	307	308	293	275
Estados Unidos	197	254	264	261	258
Alemanha	263	247	183	195	175
Holanda	112	108	102	102	102
Reino Unido	108	103	105	88	100
Japão	94	92	89	82	84
Total mundial	2.011	2.088	2.086	2.018	1.851

Fonte: Estados Unidos (2005).

Considerando apenas a Região Sul do Brasil, a safra 2005–2006 chegou a 774.767 t. O volume foi colhido, em área de 416 mil hectares, por 196.952 famílias de fumicultores nos três estados do Sul, obtendo uma produtividade média de 1.861 kg/ha. O fumo Virgínia contribuiu com 81,5 % do total produzido, enquanto o Burley compreendeu 17 % e o Comum, 1,5 %. O maior produtor é o Estado do Rio Grande do Sul, com 50 % do total, vindo, em segundo lugar, Santa Catarina, com 33 %, e

depois o Paraná, com 17 % (ANUÁRIO..., 2006). O tabaco representa 68 % da renda da propriedade, embora ocupe apenas 16,6 % da área (ANUÁRIO..., 2005).

A maior parte do tabaco produzido comercialmente no mundo pertence à espécie *Nicotiana tabacum*. *N. rustica* é outra espécie que tem uso comercial, porém em pequena escala. Dentro da espécie *N. tabacum*, existem subdivisões, de acordo, principalmente, com o sistema de produção e os métodos de cura, visando atender as necessidades da indústria. Os principais tipos são o *Flue-Cured* ou Virgínia, *Ligh Air-Cured* incluindo o Burley e o Maryland, *Dark Air-Cured*, *Fire-Cured*, *Sun-Cured*, Oriental e *Cigar Filler* (fumos para charuto). Porém, de todos os tipos cultivados, apenas três (Virgínia – 62 %; Burley – 13 %; Oriental – 10 %) representam cerca de 85 % do total de fumo produzido no mundo.

No Brasil, são produzidos diferentes tipos de fumo, sendo divididos de acordo com os locais e sistemas de produção e, principalmente, os métodos de cura. Na Região Sul do País, são produzidos os tipos Virgínia, Burley e Galpão Comum, o último em pequena quantidade. Esses tipos são utilizados principalmente para produção de cigarros. Na Região Nordeste do Brasil, é produzido fumo para charutos, o qual se subdivide em variedades destinadas à “capa” e ao enchimento (“bucha”). Além disso, ainda é produzido fumo-de-corda, em pequena escala, em praticamente todos os estados brasileiros.

Botânica

Uma planta típica de *N. tabacum* produz suas folhas em um caule único, ereto, com uma inflorescência terminal. A estatura de plantas, o número e tamanho de folhas variam amplamente de tipo para tipo. Os três principais tipos são: 1) Virgínia – responsável por cerca de 62 % do total mundial produzido. Para esse tipo, o número e o tamanho das folhas variam muito de acordo com as condições

edafoclimáticas. Porém, a arquitetura da planta e a coloração são menos variáveis, as folhas apresentam maior ângulo de inserção com o caule e uma coloração verde mais intensa, diferenciando-se facilmente do tipo Burley. Em plantio comercial, normalmente é despontado com 18 a 22 folhas, produzindo cerca de 1.900 kg/ha. A colheita é feita folha por folha, e uma lavoura normalmente é colhida em 4 a 6 “apanhas” (colheita de um determinado número de folhas no estágio de maturação fisiológica), posteriormente curadas em estufas; 2) Burley – representa cerca de 13 % do total de fumo produzido no mundo. Com folhas mais eretas e verde-claras, é mais exigente em termos de nutrição. Produzido em áreas com maiores altitudes, sendo despontado com 22 a 26 folhas por planta. A produtividade média no Brasil fica em torno de 1.700 kg/ha. A colheita é feita cortando-se a planta cerca de 35 a 45 dias após o desponte, e as folhas são curadas em galpões; 3) Oriental – fumo de características aromáticas, com plantas de menor estatura e folhas bem menores quando comparadas aos tipos Virgínia ou Burley. Representa cerca de 10 % do fumo produzido no mundo, com uma produtividade de aproximadamente 1.250 kg/ha. A colheita é feita de forma semelhante ao do tipo Virgínia, mas a cura é feita ao sol. Contudo, esse tipo de fumo não é cultivado no Brasil. Existem vários outros tipos de fumo, porém a expressividade é menor que os três anteriormente citados. Entre eles, pode-se destacar o *Dark Air-Cured*, fumos para charuto, Maryland, Galpão Comum, fumo de corda, entre outros.

A inflorescência é uma panícula terminal. As flores têm aproximadamente 5 cm de comprimento e possuem cor rosa, embora variedades de cor branca e vermelho-carmim também sejam conhecidas. As flores são hermafroditas, apresentando cinco anteras. A estrutura da flor favorece a autofecundação. A fecundação de uma flor pode resultar em um fruto com centenas de semente, chegando produzir mais de mil sementes por fruto. As sementes são de tamanho diminuto, podendo ser encontradas de 10 mil a 12 mil sementes em 1 g. Uma única planta pode produzir mais de 50 g de sementes.

Origem e evolução

Cerca de 70 % das espécies de *Nicotiana* estão concentradas nas Américas do Sul e do Norte. Desse total, a maioria é encontrada na metade sul da América do Sul, incluindo a região dos Andes. De fato, essa área é o centro de diversificação do gênero (ONO, 1994). *N. tabacum* é originária provavelmente do norte da Argentina ao sudoeste da Bolívia, onde as altitudes são de médias para baixas. Ocorre em margens de florestas. Possui sementes de tamanho pequeno, sensíveis à luz para germinação, necessitando de baixa saturação de luz para fotossíntese, possuindo folhas relativamente largas e suscetíveis a geadas. É uma espécie naturalmente perene, mas cultivada como uma cultura anual (TSO, 1999). Enquanto *N. rustica* tem como origem provável a América do Norte (leste do Mississipi e norte do México), espécies nativas, fora do Novo Mundo, estão concentradas na Austrália, e apenas duas espécies foram encontradas fora dessa área, uma em uma ilha no sul do Pacífico e outra na África (Namíbia). Embora o gênero *Nicotiana* inclua numerosas espécies, é representado sem dúvida por *N. tabacum*, a fonte de tabaco para fumar (ONO, 1994).

No México, no leste dos EUA e no Canadá, a princípio a espécie cultivada e utilizada no princípio era *N. rustica*, cujas folhas são pequenas, amargas e possuem elevado teor de nicotina, a qual era destinada para fumo em cachimbos. Diversas espécies silvestres de fumo crescem naturalmente no oeste da Cordilheira dos Andes, nas Américas do Sul e do Norte, principalmente nas zonas temperadas. Essas espécies, em geral, apresentam folhas pequenas e duras, porém os nativos as usavam para fumar. Com estatura alta, folhas largas e compridas, *N. tabacum* era cultivada no norte e no leste da América do Sul e da América Central (BORIO, 2001).

A espécie economicamente mais importante, *N. tabacum* L., é considerada uma alotetraplóide, com $2n=4x=48$, tendo os genomas SSTT. Muitas pesquisas têm sido realizadas

para determinar os prováveis genitores silvestres. Baseado na morfologia das flores, nos padrões de segregação dos cromossomos, nos dados de seqüência do cloroplasto e da mitocôndria, o ancestral materno do tabaco, doador do genoma S, é creditado à espécie *N. sylvestris* ($2n=2x=24$; seção *Alatae*) (GERSTEL, 1963; BLAND et al., 1985; SPERISEN et al., 1991). O ancestral paterno, doador do genoma T, é controverso, podendo ser *N. tomentosiformis* ou *N. otophora* (ambos da seção *Tomentosae*, $2n=2x=24$), ou, ainda, um tipo ancestral similar aos anteriores, mas diferente dos encontrados atualmente.

Dados isoenzimáticos (SHEEN, 1972; GRAY et al., 1974) e marcadores moleculares (BOGANI et al., 1997) e de seqüenciamentos sugerem que *N. tomentosiformis* tem seu genoma mais semelhante ao genoma T de *N. tabacum* do que *N. otophora*. Além disso, seqüência de dados de DNA ribossomal (rDNA) 18S-5.8S-26S sugere que muitas unidades de *N. tabacum* são de *N. tomentosiformis* (BORISJUK et al., 1997; VOLKOV et al., 1999; LIM et al., 2000a).

Utilização de hibridização genômica *in situ* (HGIS) tem sugerido que os genomas S e T podem ser distinguidos durante a metáfase no tabaco. Kento et al. (1993) e Papp et al. (1996) utilizaram o DNA genômico de *N. otophora* e de *N. tomentosiformis* como sonda, e os resultados têm revelado que o DNA genômico de *N. otophora* forneceu um sinal mais forte para os cromossomos do genoma T do tabaco. Entretanto, nenhuma dessas distinções foi observada por Lim et al. (2000b), os quais usaram nove seqüências repetitivas clonadas, como sondas em experimentos de hibridização fluorescente *in situ* (HFIS), para determinar o ancestral do tabaco e as relações filogenéticas dentro da seção *Tomentosae*. As sondas incluíram variantes de GRD (DNA geminiviral) e de NTRS, ambos com seqüências repetidas em tandem. O GRD e o NTRS são famílias de DNA altamente repetitivo encontradas no fumo. O primeiro surgiu da integração de um gene geminiviral em um ancestral da seção

Tomentosae (ASHBY et al., 1997). Além disso, Lim et al. (2000b) mostraram que o arrançamento de seqüências repetidas em *N. tomentosiformis* tem evidenciado ser mais similar ao genoma T do fumo, enquanto *N. otophora* apresentou muitas diferenças, revelando ausência de GRD e NTRS, ao mesmo tempo em que ambos eram encontrados em *N. tomentosiformis* e *N. tabacum*. Entretanto, existiram pequenas, mas significantes, diferenças na ocorrência e na distribuição das duas classes GRD (GRD3 e GRD53) no fumo e nos acessos de *N. tomentosiformis*.

A espécie *N. tabacum* apresenta o GRD3 no cromossomo T2 e o GRD5 no cromossomo T4, enquanto *N. tomentosiformis* ac. TW 142 não apresenta o GRD3 (LIM et al., 2000b). Isso indica que o GRD3 surgiu com a formação do *N. tabacum*. Entretanto, Murad et al. (2002) revelam que outro acesso de *N. tomentosiformis*, ac. NIC 479/84, GRD3 está presente no cromossomo 2, de forma semelhante ao que ocorre no cromossomo T2 do *N. tabacum*.

Uma terceira variante de GRD, chamada GRD53, foi isolada do clone lambda de *N. tabacum* e está ligada ao GRD3 em tandem (BEJARANO et al., 1996). Essa variante tem alta similaridade de seqüência com o GRD3 e pouca similaridade com o GRD5. Em *N. tabacum* cv. 095-55, a sonda GRD53 hibridiza in situ para o locus GRD3 no cromossomo T2, para o locus GRD5 no cromossomo T4 e para seqüências dispersas no cromossomo T3 (LIM et al., 2000b).

Lim et al. (2000b) mostraram que a ocorrência e a distribuição de nove seqüências repetitivas em tandem no cariótipo de *N. otophora* foram amplamente diferentes do genoma T do fumo, enquanto *N. tomentosiformis* foi muito similar. A similaridade com *N. tomentosiformis* ac. NIC 479/84 torna menos provável que um ancestral de *N. otophora* tenha sido o genitor, como sugerido por algumas análises de GISH (KENTON et al., 1993) e alguns cruzamentos experimentais realizados por Gerstel (1960). A possibilidade de *N. otophora* ter parcialmente contribuído com o genoma

T de *N. tabacum*, talvez via híbridos com *N. tabacum* ou com o ancestral *N. tomentosiformis* antes da alopoliploidia do fumo, pode não ter ocorrido inteiramente.

Entretanto, se isso ocorreu, nenhum sinal desse evento foi detectado na distribuição e na ocorrência de seqüências repetitivas conhecidas. O que é claro, porém, é que estudos de paternidade no fumo devem usar preferencialmente o mesmo acesso, ou seja, *N. tomentosiformis* cv. NIC 479/84, em relação a qualquer outro acesso (MURAD et al., 2002). Lim et al. (2000b) verificaram que as pequenas diferenças genômicas observadas entre *N. tomentosiformis* ac. TW142 e o genoma do fumo ocorreram no *N. tabacum* durante sua formação ou depois dela. Por exemplo, pensava-se que as seqüências GRD3 e GRD53 eram únicas para o fumo, mas Murad et al. (2002) mostraram que isso não é verdadeiro, visto que elas estão presentes em um acesso de *N. tomentosiformis* e ausentes em outros. Todavia, GRD3 e GRD53 provavelmente surgiram em certas populações de plantas de *N. tomentosiformis* como um segundo evento de integração viral independente, ou talvez por meio de translocações de seqüências e ampliações associadas com modificações de seqüências. Independentemente do que ocorreu, plantas de *N. tomentosiformis* dessas populações provavelmente deram origem à espécie *N. tabacum*.

Nesse sentido, especula-se que o tabaco tenha surgido há mais de 6 milhões de anos (OKAMURO; GOLDBERG, 1985). Muitos trabalhos conduzidos no intuito de produzir plantas de fumo a partir de cruzamentos dos prováveis ancestrais têm revelado problemas, porque cruzamentos entre tais espécies têm conduzido à letalidade no estágio de plântula (MARUBASHI et al., 1999). Esse insucesso deve-se, provavelmente, à alta divergência genética entre as espécies parentais diplóides. É estimado que *N. tomentosiformis* e *N. sylvestris* tiveram ancestrais comuns há 70 milhões de anos (Uchiyama et al., 1977). A linha Th37 representa uma das tentativas bem-sucedidas de reconstruir o fumo (SKALICKÁ et al., 2005).

Estudos utilizando a linha Th37 sugerem que o rDNA evolui rapidamente nas plantas sintéticas de fumo dentro de poucas gerações. As mudanças são marcadas por uma abundância alterada de famílias de genes, incluindo a perda de famílias e a evolução de unidades ou, alternativamente, a amplificação de unidades raras (SKALICKÁ et al., 2005).

No material híbrido, não existe evidência de conversão de genes intergenômicos (entre os genomas T e S), como observado em fumo natural. É provável que a conversão de genes interlocos entre os genomas contraste com a conversão de genes intragenômicos seja menor e requeira muito mais gerações para serem observadas do que tem ocorrido no fumo sintético (SKALICKÁ et al., 2005). Isso pode ser confirmado pelos estudos na aloploidia sintética de *Gossypium*, que mantiveram a identidade parental das unidades de rDNA (WENDEL et al., 1995).

Apesar das pequenas mudanças no balanço das unidades das famílias derivadas de *N. sylvestris* nas plantas híbridas, muitas mudanças foram observadas nas unidades derivadas de *N. tomentosiformis*. Existem diversas explicações para isso: a conversão de genes das unidades de rDNA pode ser genômico específico ou dependente da origem dos genitores. A hipótese de interação citoplasmática de Gill (1991) sugere que o doador paterno pode ser mais vulnerável a mudanças genéticas em um híbrido novamente formado, por causa da sua exposição ao ambiente “hostil” do citoplasma materno. Certamente, muitas seqüências específicas repetidas, não transcritas para o genoma paterno de *N. tomentosiformis*, têm sido perdidas em muitas das plantas híbridas (SKALICKÁ et al., 2003).

Taxonomia e citogenética

Nicotiana é um membro da família Solanaceae, distribuído principalmente no Hemisfério Sul, e inclui 66 espécies conhecidas (ONO, 1994). Essas espécies, que compõem o gênero *Nicotiana*, são subdivididas em três subgêneros

(*Rustica*, *Tabacum* e *Petunioides*) e em 14 seções. O número básico de cromossomos é $x=12$, e cerca de 50 % das espécies conhecidas apresentam $2n=2x=24$. A alopoliploidia foi um mecanismo importante na evolução do gênero, no qual 11 das espécies conhecidas apresentam $2n=4x=48$. A taxonomia do gênero *Nicotiana*, com suas subdivisões, incluindo subgênero, seção, nome científico e número cromossômico de cada espécie, é apresentada na Tabela 2 (ONO, 1994). Um grande número de anfiplóides tem sido produzido, seja por meio de cruzamentos naturais seja por meios artificiais. A espécie economicamente mais importante, *N. tabacum* L., é considerada uma alo-tetraplóide, com $2n=4x=48$.

Embora o número básico de cromossomos seja $x=12$, aneuplóides assim como anfiplóides têm revelado importante papel na evolução do gênero *Nicotiana*, evidenciado pela ocorrência de espécies com $x=9$ e 10, na seção *Alatae*, e $x=16$, 19, 21 e 23 pares de cromossomos, na seção *Suaveolentes* (Tabela 2). Isso pode ter ocorrido pela perda de cromossomos durante o processo evolutivo.

Tabela 2. Classificação do gênero *Nicotiana*.

Subgênero	Seção	Espécie	Nº de cromossomos (2n)	Espécie	Nº de cromossomos (2n)
<i>Rustica</i>	<i>Paniculatae</i>	<i>N. glauca</i> Graham	24	<i>N. benavidesii</i> Goodspeed	24
		<i>N. paniculata</i> L.	24	<i>N. cordifolia</i> Philippi	24
		<i>N. knightiana</i> Goodspeed	24	<i>N. raimondii</i> Macbride	24
		<i>N. solanifolia</i> Walpers	24		
	<i>Thyrsiflorae</i>	<i>N. thyrsiflora</i> Bitter ex Goodspeed	24		
	<i>Rusticae</i>	<i>N. rustica</i> L.	48		
<i>Tabacum</i>	<i>Tomentosae</i>	<i>N. tomentosa</i> Ruiz & Pavon	24	<i>N. kawakamii</i> Y. Ohashi	24
		<i>N. tomentosiformis</i> Goodspeed	24	<i>N. setchellii</i> Goodspeed	24
		<i>N. otophora</i> Grisebach	24	<i>N. glutinosa</i> L.	24
	<i>Genuinae</i>	<i>N. tabacum</i> L.	48		
	<i>Undulatae</i>	<i>N. undulata</i> Ruiz & Pavon	24	<i>N. wigandoides</i> Koch & Fintelmann	24
<i>Alatae</i>		<i>N. arentsii</i> Goodspeed	48		
	<i>Trigonophyllae</i>	<i>N. trigonophylla</i> Dunal	24		
		<i>N. sylvestris</i> Spegazzini & Comes	24	<i>N. bonariensis</i> Lehmann	18
		<i>N. langsdorffii</i> Weinmann	18	<i>N. longiflora</i> Cavanilles	20
		<i>N. alata</i> Link & Otto	18	<i>N. plumbaginifolia</i> Viviani	20
<i>Repandae</i>		<i>N. forgetiana</i> Hort. ex Hemsley	18		
		<i>N. repanda</i> Willdenow ex Lehmann	48	<i>N. nesophila</i> Johnston	48
		<i>N. stocktonii</i> Brandege	48		

Continua...

Tabela 2. Continuação.

Subgênero	Seção	Espécie	Nº de cromossomos (2n)	Espécie	Nº de cromossomos (2n)
Petunioides	Noctiflorae	<i>N. noctiflora</i> Hooker	24	<i>N. acaulis</i> Spegazzini	24
		<i>N. petunioides</i> (Grisebach) Millán	24	<i>N. ameghinoi</i> Spegazzini	24
		<i>N. acuminata</i> (Graham) Hooker	24	<i>N. miersii</i> Remy	24
	Acuminatae	<i>N. pauciflora</i> Remy	24	<i>N. corymbosa</i> Remy	24
		<i>N. attenuata</i> Torrey ex Watson	24	<i>N. linearis</i> Philippi	24
		<i>N. longibracteata</i> Philippi	24	<i>N. spegazzinii</i> Millán	24
	Bigelovianae	<i>N. bigelovii</i> (Torrey) Watson	48	<i>N. clevelandii</i> Gray	48
	Nudicaules	<i>N. nudicaulis</i> Watson	48		
		<i>N. benthamiana</i> Domin	38	<i>N. megalosiphon</i> Heurck & Mueller	40
		<i>N. umbratica</i> Burdidge	46	<i>N. rotundifolia</i> Lindley	44
		<i>N. cavicola</i> Burdidge	46	<i>N. excelsior</i> J. M. Black	38
	Suaveolentes	<i>N. debneyi</i> Domin	48	<i>N. suaveolens</i> Lehmann	32
		<i>N. gossei</i> Domin	36	<i>N. ingulba</i> J. M. Black	40
		<i>N. amplexicaulis</i> Burdidge	36	<i>N. exigua</i> Wheeler	32
		<i>N. maritima</i> Wheeler	32	<i>N. goodspeedii</i> Wheeler	40
		<i>N. velutina</i> Wheeler	32	<i>N. rosulata</i> Domin	40
		<i>N. hesperis</i> Burdidge	46	<i>N. fragrans</i> Hooker	48
		<i>N. occidentalis</i> Wheeler	42	<i>N. africana</i> Merxmüller	46
		<i>N. simulans</i> Burdidge	40		

Fonte: ONO (1994).

História antiga e recente

Borio (2001) apresenta uma extensa revisão sobre a história antiga e recente do tabaco. Segundo o autor, historiadores acreditam que o fumo começou a ser cultivado há mais de 6.000 anos a.C. Também é provável que os aborígenes Aguaruna peruanos tenham usado o fumo de formas variadas, como para fumar, mascar e, provavelmente, em cerimônias alucinogênicas. Nesse período, o fumo já se disseminava pela América. Entre os anos de 470 e 630, os Maias começaram a se difundir, alguns se mudaram para o Vale do Mississippi, levando consigo o costume da utilização do fumo.

Os Toltecs, a exemplo dos Maias, adquiriram costume de fumar. Duas castas de fumadores surgiram entre eles. Uma superior, na Corte de Montezuma, que misturava o fumo a resinas de outras folhas, fumando cachimbos em grandes cerimônias depois das suas refeições. Outra, formada pelos índios inferiores, que enrolavam folhas de fumo,

produzindo uma forma rude de cigarro. Os Maias que colonizaram o Vale do Mississipi disseminaram seus costumes pelas tribos vizinhas. Mais tarde, adaptaram a fumaça do cigarro às suas cerimônias religiosas, acreditando que seu deus, o todo-poderoso Manitou (força espiritual entre os indígenas), revelava-se no surgimento da fumaça. Dessa forma, na América Central, um sistema complexo de rituais religiosos e políticos foi desenvolvido em torno do fumo.

De 600 a 1000 d.C., tem-se o registro da primeira imagem de um fumante (Uaxactun, Guatemala). Em um vaso de argila, datado de antes do século 11, um Maia é pintado fumando um rolo de folhas de fumo amarradas com um barbante. O termo usado pelos Maias para o cigarro era *Sik'ar*.

A história escrita do fumo começa em 12 de outubro de 1492, quando Cristóvão Colombo chegou a São Salvador. Naquela manhã, Colombo e seus homens desembarcam no Novo Mundo pela primeira vez. Pensando, talvez, que os estranhos visitantes fossem divinos, os índios lhes ofereceram presentes. Colombo escreveu em seu diário: “os nativos trouxeram frutas, lanças e certas folhas secas, as quais possuem uma fragrância distinta. Cada item parecia muito apreciado pelos nativos.”

Colombo aceitou os presentes e ordenou que seus homens os levassem ao navio. As frutas foram consumidas, porém as folhas secas foram descartadas.

Em 15 de outubro de 1492, Colombo fez nova menção ao fumo em seu diário:

Nós encontramos um homem em uma canoa indo de Santa Maria para Fernandia. Ele portava consigo algumas folhas secas, as quais têm elevado valor entre eles pela quantidade que foi trazida a mim em São Salvador.

Mais tarde, viajantes descobriram que o uso do fumo era muito comum no Novo Mundo, e evidências sugeriam que isso estava ocorrendo há séculos. Tais evidências

indicavam que o fumo era cultivado desde o sul do Canadá até o Brasil, e consumido na forma de charutos, de cigarros, de rapé, mascado e em cachimbos.

Em novembro de 1492, Rodrigo de Jerez e Luis de Torres notaram, nas margens do Rio Canau, que habitantes de ambos os sexos fumavam por meio de um instrumento, denominado pelos indígenas de tabaco, composto de um pequeno tubo, dividido em duas partes, de diferentes dimensões. Introduziam a mais estreita na boca para absorver o fumo e a mais larga servia para conter folhas secas de *cohiba*, nome dado pelos naturais da Ilha Guanahani (São Salvador) ao fumo. A maioria deles, porém, substituía o tubo pelas próprias folhas de fumo enroladas em folhas de milho, constituindo os chamados canudinhos. Rodrigo de Jerez é considerado o primeiro europeu fumante.

Em 1493, Romano Pane, um frei que acompanhava Colombo em sua segunda viagem, fez uma ampla descrição sobre o costume de fumar e de cheirar tabaco na América. Ele descreveu como os índios inalavam fumaça através de um tubo. A Pane é normalmente creditada a autoria da introdução do tabaco na Europa. Em 1497, Pane escreveu o primeiro relato do uso do tabaco nativo na Europa – *De Insularium Ribitus*.

Em 1518, Fernando Cortez, em viagem à América, encontrou, na Ilha de Tabago, nativos consumindo fumo. Na ocasião, Fernando Cortez colheu algumas sementes e as enviou para o imperador da Espanha, Carlos V.

Em 1559, Hernandez de Toledo, fidalgo e médico espanhol, levou sementes de São Domingos para Espanha e Portugal. Depois, João Nicot, embaixador da França junto à corte de Portugal, durante o período de 1559 a 1561, semeou-as no seu jardim. Em 1560, após ter cicatrizado uma úlcera na perna, até então incurável, remeteu algumas plantas a Paris, com destino a Catarina de Médicis, rainha da França, para auxiliar no alívio de suas enxaquecas. Em decorrência desse fato, o fumo passou a se chamar erva ou pó-da-

rainha, porque essa o usava apenas pulverizado. Também se denominou *Nicotiana* ou erva-do-embaixador, por ter sido Nicot que o introduziu na França. Nesse tempo, era igualmente conhecida por erva-santa, em virtude das qualidades medicinais que então lhe atribuíam.

Na América, os índios acreditavam que as plantas de fumo tivessem propriedades medicinais, e eram eficazes na cura de todas as doenças, por causa da embriaguez que o hábito ocasionava. Os europeus consideravam o tabaco uma verdadeira panacéia; remédio infalível para as enxaquecas, pneumonia, chagas, raiva e servindo até como narcótico, aperitivo, etc. O cardeal de Santa Cruz, em Portugal, foi o primeiro que o enviou para Roma; nesse período, Afonso de Tarnabon, bispo de Bruges, o divulgava na França. A planta recebeu ainda, nessa época, os nomes de erva-santa-cruz e de Tarnabon.

Durante o século 16, foram realizadas várias descobertas, tais como a identificação de dois tipos de tabaco utilizados, hoje denominados de *N. tabacum*, um tipo de tabaco mais leve; e de *N. rústica*, uma espécie mais grossa, amarga e forte. Essa observação foi feita em 1530 por Bernardino de Sahagun, no México. Em 1531 e 1535, respectivamente, iniciou-se o cultivo de tabaco em Santo Domingo (Cuba) e no Canadá. Em 1548, os portugueses iniciam o cultivo comercial para exportação no Brasil. No final da década de 1560, o fumo foi introduzido na Europa, em países como França, Portugal e Espanha. Pouco tempo depois, em 1564, foi introduzido na Inglaterra. Em 1568, o francês André Thevet fez a primeira descrição escrita do uso do tabaco, fazendo menção de seu uso no Brasil. O autor também provou os efeitos da planta. Durante os anos de 1570, vários livros foram escritos sobre os usos medicinais do tabaco, como sua eficácia no combate a cólicas, a diarréias, a nefrites, a dor de dente, e a câncer, entre outros males. Nos anos de 1580, o tabaco foi introduzido em países como Turquia e Polônia. Em 1586, tem-se um dos primeiros registros de preocupação sobre o uso do tabaco, na Alemanha, onde foi chamado de erva violenta.

No século 17, os fatos mais importantes foram: a proibição do cultivo e do uso do tabaco em países como a China e a

Rússia bem como o primeiro carregamento e a venda de tabaco da Virgínia (EUA) para a Inglaterra, permitindo que produtores da Virgínia entrassem no mercado mundial de tabaco sob proteção inglesa. Nesse período, o cultivo de tabaco mostrou-se um negócio altamente rentável. Em 1614, o rei da Espanha estabelece Sevilha como o centro mundial de tabaco e determina que todo tabaco produzido nas colônias espanholas da América fosse embarcado para Sevilha, que se tornou, assim, o centro mundial de fabricação de cigarros. Nessa época, o tabaco começou a ser usado como moeda em alguns estados americanos, como Virgínia e Maryland, o que durou por cerca de 200 e 150 anos, respectivamente. Em alguns países, foi instituída pena de morte para fumantes, como na Mongólia, Rússia e China. Na Turquia, por volta de 1630, quem era flagrado fumando tinha seu nariz furado com um cano de cachimbo e, em caso de reincidência, era condenado à pena de morte. Porém, todas as tentativas de restringir a distribuição e o consumo apenas elevaram o seu preço, fazendo com que o fumo passasse a valer o mesmo que a prata.

Nos anos de 1700, foi instalada a primeira fábrica de cigarros na América, no Estado de Virgínia. Em 1753, Carl Lineu descreve duas espécies de tabaco, denominando-as de *Nicotiana tabacum* e *N. rustica*. Em 1760, Pierre Lorillard estabelece em Nova York uma fábrica para processamento de fumos para cachimbo, cigarros e para mascar. P. Lorillard é a mais antiga companhia de tabaco nos EUA. Naquele século, muitas proibições cessam e o uso do tabaco cresce de forma gradual.

Durante o século 19, mais precisamente em 1805, os principais fatos relacionados ao fumo remetem para o isolamento da sua essência, a nicotina. Alguns anos mais tarde, por meio de muitos estudos realizados em torno desse alcalóide, foi descoberta sua propriedade inseticida. Naquele século, também surgiu o charuto na Espanha, que atingiu toda a Europa, os EUA e os demais continentes, sendo utilizado para demonstração de ostentação. Em 1843, o cigarro começa a ser fabricado na França e, nesse mesmo

ano, foi determinada a fórmula molecular correta da nicotina. Em 1854, um comerciante de Londres chamado Philip Morris, começa a fabricar seus próprios cigarros. Em 1875, R. J. Reynolds funda a Companhia de Tabacos R. J. Reynolds para produzir fumos para mascar. Em 1894, inicia-se o cultivo de fumo no Zimbábwe.

No século 20, a partir das companhias Imperial Tobacco (Reino Unido) e Buck Duke's American Tobacco Co. (EUA), surge mais uma das grandes companhias de cigarro, a British American Company (BAT). No Brasil, em 1903, foi fundada a Souza Cruz, que, em 1914, seria adquirida pela BAT. Na Inglaterra, em 1911, o cultivo do fumo volta a ser permitido depois de uma proibição de mais de 250 anos. Dessa forma, o consumo de cigarros aumenta e a espécie *N. tabacum* torna-se uma das espécies mais estudadas. Em virtude desse aumento no consumo, em 1969 são criadas áreas separadas para fumantes e não-fumantes em aviões das companhias Pan American Airlines, TWA e United. Além disso, em países como EUA, Itália, Tailândia, surgem proibições ao consumo de cigarro em locais públicos; proibições essas que se espalharam mais tarde para muitos outros países.

Estudos botânicos de espécies silvestres de *Nicotiana* avançaram consideravelmente na metade do século 20, como resultado dos esforços do botânico americano Thomas Harper Goodspeed e de seus colaboradores, revelado em várias publicações. Plantas do gênero *Nicotiana*, apesar de serem destinadas para fumar, têm sido atualmente focadas em várias diferentes perspectivas, como material para pesquisas biotecnológicas. Poucas espécies foram tão estudadas como *N. tabacum* (ONO, 1994).

Melhoramento e perspectivas

Como a maioria das culturas, o melhoramento de fumo começou pela seleção de plantas adequadas ao seu propósito, ainda no princípio de sua utilização pelos nativos

americanos. Para Legg e Smeeton (1999), as primeiras populações apresentavam elevada variabilidade genética em virtude de cruzamentos interespecíficos e mutações. Produtores e usuários do fumo devem ter praticado ativamente a seleção, armazenando a semente para plantios subseqüentes. Essa seleção, em diversos locais, levou à obtenção dos diferentes tipos atualmente cultivados. O avanço nos conhecimentos genéticos desde o início do século 20 tem contribuído para o melhoramento além do praticado pelos agricultores.

O melhoramento passa por algumas fases fundamentais, iniciando pela definição dos objetivos do programa, pelo desenvolvimento das linhas ou híbridos e pela posterior avaliação dos mesmos. O sucesso em um programa depende essencialmente da escolha das fontes de germoplasma utilizadas, do método de melhoramento escolhido e de um eficiente procedimento de avaliação das novas constituições genéticas, visando reduzir a interferência do ambiente.

Os objetivos do programa devem indubitavelmente atender as necessidades dos produtores, da indústria e, conseqüentemente, dos consumidores. Aos primeiros estão relacionados caracteres de resistência a pragas e moléstias, produtividade, qualidade, facilidade de manejo e cura. À indústria interessam genótipos que apresentem alta relação lâmina/talo, folhas com características de oleosidade, elasticidade e propriedades químicas que revelem aroma e sabor desejado pelos consumidores, estando livres de substâncias amargas e pungentes. Entretanto, ao se determinar os objetivos do programa, o leque não deve ser estendido ao seu extremo, ou seja, por haver vários caracteres envolvidos, o melhoramento deve ser realizado por etapas. É importante identificar os caracteres mais importantes e priorizá-los.

Os caracteres mais importantes no melhoramento do fumo envolvem: largura e número de folhas; relação lâmina/talo; estatura de plantas; produtividade; qualidade; resistência a moléstias e pragas; características organolépticas e composição química.

A determinação da largura de folhas é atribuída a dois pares de genes. Dependendo da combinação homocigota, quatro tipos de largura de folhas podem ser obtidos, cuja classificação varia do tipo 1 ao 4 e da mais estreita à mais larga, respectivamente (HUMPHREY et al., 1964).

O hábito de crescimento indeterminado, que pode produzir plantas com três a quatro metros de altura, com mais de 50 folhas, ocorre quando um gene está presente em recessividade. Plantas com essa característica são denominadas de mamute (SMITH, 1950).

Uma das metas mais importantes é o desenvolvimento de genótipos com resistência às moléstias que podem causar danos elevados à produtividade e comprometer a qualidade do produto final. As moléstias economicamente importantes no Brasil podem ser divididas em dois grupos: aquelas cuja resistência no fumo é governada por um ou por poucos genes (resistência qualitativa); e outras cuja resistência é controlada por vários genes (resistência quantitativa). No primeiro grupo, podemos citar as seguintes moléstias: TMV (*tobacco mosaic virus*); potivírus (*potato virus Y* – PVY; *tobacco etch virus* – TEV; *tobacco vein mottle virus* - TVMV); TSWV (*tomato spotted wilt virus*). No segundo grupo, encontram-se a murcha-bacteriana (*Ralstonia solanacearum*) e o amarelão (agente causal desconhecido). Em outros países destacam-se outras moléstias, como *black shank* (*Phytophthora parasitica* var. *nicotianae*) raças 0 e alternária (*Alternaria alternata*), cuja resistência no fumo é de herança qualitativa; e *black shank* (*P. parasitica* var. *nicotianae*) raças 1, *black root rot* (*Thielaviopsis basicola*), fusariose (*Fusarium oxysporum*) e o mofo-azul (*Peronospora tabacina*), cuja resistência é de herança quantitativa.

Com relação a pragas, os nematóides de galhas são os mais importantes, incluindo as espécies *Meloidogyne incognita*, *M. arenaria* e *M. javanica*.

Fontes de resistência têm sido obtidas de diversas espécies silvestres e, posteriormente, introduzidas na espécie

cultivada, como *N. debneyi* para mofo-azul, *N. longiflora* para nematóides, *N. glutinosa* para TMV, *N. tomentosiformis* para potivírus, *N. alata* para TSWV, *N. longiflora* e *N. rustica* para fogo selvagem, entre outras.

Nos últimos anos, houve progressos expressivos no desenvolvimento de variedades com elevada produtividade, qualidade, facilidade de manejo e de cura, com resistência às principais pragas e moléstias. O aprofundamento no conhecimento da herança genética dos caracteres de importância, a identificação de fontes de germoplasma para características de resistência, bem como o desenvolvimento de técnicas biotecnológicas para identificação, introdução e seleção de caracteres em constituições genéticas superiores nas populações segregantes, têm gerado perspectivas para que o melhoramento continue produzindo genótipos mais produtivos, qualitativos, que atendam as necessidades dos produtores e da indústria.

Avanços na engenharia genética estão tornando possível o uso do tabaco como fábricas de remédios. Plantas de tabaco, utilizadas como biorreatores, poderão representar um dos mais importantes avanços na agricultura, favorecendo a produção de proteínas terapêuticas, drogas e vacinas pelas indústrias farmacêuticas e químicas.

O tabaco tem se estabelecido historicamente como um sistema modelo para estudos moleculares, e é a espécie mais amplamente utilizada para produção de proteínas usadas como fármacos em nível de pesquisa (CRAMER, 1999; FISCHER; EMANS, 2000). As principais vantagens do fumo incluem a tecnologia desenvolvida para transferência e expressão dos genes, a elevada produtividade de biomassa (podendo produzir mais de 100 mil quilogramas por hectare), o potencial para rápida produção em larga escala em virtude da elevada produção de sementes/planta, e a disponibilidade de infra-estrutura para processamento (FISCHER; EMANS, 2000). Por causa desses atributos, o tabaco poderá contribuir de forma significativa na produção de grandes quantidades de produtos de interesse,

envolvendo proteínas, produtos cosméticos, combustíveis, fármacos e muitos outros.

O primeiro fármaco relevante produzido em plantas foi o hormônio de crescimento humano, o qual foi expresso em plantas transgênicas de fumo, em 1986 (BARTA et al., 1986). Em 1989, o primeiro antibiótico foi expresso em plantas de tabaco (HIATT et al., 1989). A autenticidade estrutural das proteínas recombinantes derivadas foi confirmada em 1992, quando plantas foram usadas pela primeira vez para produzir uma vacina experimental contra o vírus da hepatite B. Posteriormente, o mesmo grupo mostrou que a vacina produzida em plantas de fumo e injetadas em ratos produzia resposta imune conforme o esperado (THANAVALA et al., 1995). Desde então, muitas outras proteínas têm sido produzidas em diferentes espécies. A produção de proteínas em plantas de fumo transgênico e a sua extração diretamente das folhas geralmente são em níveis reduzidos, normalmente menores que 0,1 % do total de proteínas solúveis. Porém, nos últimos anos, o sistema de cloroplasto do fumo tem sido usado para expressar proteínas humanas em níveis mais elevados. Por exemplo, o hormônio de crescimento humano foi produzido em plantas de fumo transgênico, em nível superior a 7 % do total de proteínas solúveis (STAUB et al., 2000), e a albumina do soro humano foi produzida em nível superior a 11 % do total de proteínas solúveis (MILLAN et al., 2003).

Entretanto, as cultivares atualmente disponíveis têm sido melhorados com o objetivo de atender as necessidades do uso da planta para o hábito de fumar e não para produção de proteínas ou outros produtos relacionados. Dessa forma, existe a necessidade de desenvolvimento de cultivares adequados à produção desses novos produtos em níveis elevados, que apresentem também caracteres que possibilitem sua produção em nível de campo, como resistência a pragas e moléstias, macho-esterilidade, colheitas múltiplas, adequação à colheita mecânica, associadas à elevada produção de biomassa e com custos compatíveis.

Referências

- ANUÁRIO BRASILEIRO DO FUMO 2005. Santa Cruz do Sul: Gazeta Santa Cruz. 2005. 144 p.
- ANUÁRIO BRASILEIRO DO FUMO 2006. Santa Cruz do Sul: Gazeta Santa Cruz. 2006. 144 p.
- ASHBY, M. K.; WARRY, A.; BEJARANO, E. R.; KHASHOGGI, A.; BURRELL, M.; LICHTENSTEIN, C. P. Analysis of multiple copies of geminiviral DNA in the genome of four closely related *Nicotiana* species suggests a unique integration event. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 35, p. 313-321, 1997.
- BARTA, A.; SOMMERGRUBER, K.; THOMPSON, D.; HARTMUTH, K.; MATZKE, M. A.; MATZKE, A. J. M. The expression of a nopaline synthase-human growth hormone chimaeric gene in transformed tobacco and sunflower callus tissue. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 6, p. 347-357, 1986.
- BEJARANO, E. R.; KHASHOGGI, A.; WITTY, M.; LICHTENSTEIN, C. P. Integration of multiple repeats of geminiviral DNA into the nuclear genome of tobacco during evolution. **Proceedings of National Academy of Sciences**, Washington, v. 93, p. 759-764, 1996.
- BLAND, M. M.; MATZINGER, D. F.; LEVINGS, C. S. Comparison of the mitochondrial genome of *Nicotiana tabacum* with its progenitor species. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 69, p. 535-541, 1985.
- BOGANI, P.; LIÒ, P.; INTRIERI, M. C.; BUIATTI, M. A physiological and molecular analysis of the genus *Nicotiana*. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, San Diego, v. 7, p. 62-70, 1997.
- BORIO, G. **The tobacco timeline**. 2001. Disponível em: <http://www.tobacco.org/resources/history/tobacco_history.html>. Acesso em: 20 jun. 2006.
- BORISJUK, N. V.; DAVIDJUK, Y. M.; KOSTISHIN, S. S.; MIROSHNICHENCO, G. P.; VELASCO, R.; HEMELBEN, V.; VOLKOV, R. A. Structural analysis of rDNA in the genus *Nicotiana*. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 35, p. 655-660, 1997.
- CRAMER, C. L.; BOOTHE, J. G.; OISHI, K. K. Transgenic plants for therapeutic proteins: linking upstream and down stream strategies. In: HAMMOND, J.; MCGARVEY, P. YUSIBOV, V. (Ed.). **Current topics in microbiology and immunology, plant biotechnology: new products and applications**. Berlin: Springer, 1999. v. 240. p. 95-118.
- ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **Tobacco: world markets and trade**. 2005. Disponível em: <<http://www.fas.usda.gov/tobacco/circular/2005/092005/indexSeptember.htm>>. Acesso em: 15 jun. 2006.
- FISCHER, R.; EMANS, N. Molecular farming of pharmaceutical proteins. **Transgenic Research**, London, v. 9, p. 279-299, 2000.
- GERSTEL, D. U. Segregation in new allopolyploids of *Nicotiana*. I. Comparison of 6X (*N. tabacum* X *tomentosiformis*) and 6X (*N. tabacum* X *otophora*). **Genetics**, Baltimore, v. 45, p. 1723-1734, 1960.
- GERSTEL, D. U. Segregation in new allopolyploids of *Nicotiana*. II. Discordant ratios from individual loci in 6X (*N. tabacum* X *N. sylvestris*). **Genetics**, Baltimore, v. 48, p. 677-689, 1963.
- GILL, B. S. Nucleocytoplasmic interactions (NCI) hypothesis of genome evolution and speciation in polyploid plants. **Proceedings of the Kihara Memorial international symposium on cytoplasmic engineering in wheat**. Yokohama: Kihara Memorial Yokohama Foundation for the Advancement of Science, 1991. p. 48-53.
- GRAY, J. C.; KUNG, S. D.; WILDMAN, S. G.; SHEEN, S. J. Origin of *Nicotiana tabacum* L. detected by polypeptide compositions of Fraction I Protein. **Nature**, London, v. 252, p. 226-227, 1974.

HIATT, A.; CAFFERKEY, R.; BOWDISH, K. Production of antibodies in transgenic plants. **Nature**, London, v. 342, p. 76-78, 1989.

HUMPHREY, A. B.; MATZINGER, D. F.; MANN, T. J. Inheritance of leaf shape in flue-cured tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). **The Journal of Heredity**, Washington, v. 19, p. 615-628, 1964.

KENTON, A.; PARAKONNY, A. S.; GLEBA, Y. Y.; BENNETT, M. D. Characterization of the *Nicotiana tabacum* L. genome by molecular cytogenetics. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 240, p. 159-169, 1993.

LEGG, P. D.; SMEETON, B. W. Breeding and genetics. In: DAVIS, D. E.; NIELSEN, M. T. **Tobacco: production, chemistry and technology**. Oxford: Blackwell, 1999. p. 32-48.

LIM, K. Y.; KOVARIK, A. MATYÁSEK, R.; BEZDEK, M.; LICHTENSTEIN, C. P.; LEITCH, R.A. Gene conversion of ribosomal DNA in *Nicotiana tabacum* is associated with undermethylated, active gene units. **Chromosoma**, Berlin, v. 109, n. 3, p. 161-172, 2000a.

LIM, K. Y.; MATYÁSEK, R.; LICHTENSTEIN, C. P.; LEITCH, A. R. Molecular cytogenetic analyses and phylogenetic studies in the *Nicotiana* section *Tomentosae*. **Chromosoma**, Berlin, v. 109, p. 245-258, 2000b.

MARUBASHI, W.; YAMADA, T.; NIWA, M. Apoptosis detected in hybrids between *Nicotiana glutinosa* and *N. repanda* expressing lethality. **Planta**, Berlin, v. 210, p. 168-171, 1999.

MILLAN, A. F. S.; CASTEL, A. M.; MILLER, M.; DANIELL, H. A chloroplast transgenic approach to hyperexpress and purify human serum albumin, a protein highly susceptible to proteolytic degradation. **Plant Biotechnology Journal**, Oxford, v. 1, p. 77-79, 2003.

MURAD, L.; LIM, K. Y.; CHRISTOPODULOU, V.; MATYÁSEK, R.; LICHTENSTEIN, C. P.; KOVARIK, A.; LEITCH, A. The origin of tobacco's T genome is traced to a particular lineage within *Nicotiana tomentosiformis* (Solanaceae). **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 89, n. 6, p. 921-928, 2002.

OKAMURO, J. K.; GOLDBERG, R. B. Tobacco single-copy DNA is highly homologous to sequences present in the genomes of its diploid progenitors. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 198, p. 290-298, 1985.

ONO, M. **The genus *Nicotiana* illustrated**. Tokyo: Japan Tobacco, 1994. 293 p.

PAPP, I.; IGLESIAS, V. A.; MOSCONE, E. A.; MICHALOWSKI, S.; SPIKER, S.; PARK, Y. D.; MATZKE, M. A.; MATZKE, A. J. M. Structural instability of a transgene locus in tobacco is associated with aneuploidy. **Plant Journal**, Oxford, v. 10, p. 469-478, 1996.

SHEEN, S. J. Isozymic evidence bearing on the origin of *Nicotiana tabacum* L. **Evolution**, Oxford, v. 26, p. 143-154, 1972.

SKALICKÁ, K.; LIM, K. Y.; MATYÁSEK, R.; KOUKALOVÁ, B.; LEITCH, A. R. KOVARIK, A. Rapid evolution of parental rDNA in a synthetic tobacco allotetraploid line. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 90, p. 988-996, 2003.

SKALICKÁ, K.; LIM, K. Y.; MATYÁSEK, R.; MATZKE, M.; LEITCH, A. R. KOVARIK, A. Preferential elimination of repeated DNA sequences from the paternal, *Nicotiana tomentosiformis* genome donor of a synthetic, allotetraploid tobacco. **New Phytologist**, Oxford, v. 166, p. 291-303, 2005.

SMITH, H. H. Differential photoperiod response for interspecific gene transfer. **The Journal of Heredity**, Washington, v. 41, p. 198-203, 1950.

SPERISEN, C.; RYALS, J.; MEINS, F. Comparison of cloned genes provides evidence for intergenomic exchange of DNA in the evolution of a tobacco glucan endo-1,3-b-glucosidase gene family. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 88, p. 1.820-1.824, 1991.

STAUB, J. M.; GARCIA, B.; GRAVES, J.; HAJDUKIEWICZ, P. T. J.; HUNTER, P.; NEHRA, N.; PARADKAR, V.; SCHLITTLER, M.; CARROLL, J. A.; SPATOLA, L.; WARD, D.; YE, G.; RUSSELL, D. A. High-yield production of a human therapeutic protein in tobacco chloroplasts. **Nature Biotechnology**, New York, v. 18, p. 333-338, 2000.

THANAVALA, Y.; YANG, Y. F.; LYONS, P.; MASON, H. S.; ARNTZEN, C. J. Immunogenicity of transgenic plant-derived hepatitis B surface antigen. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 92, p. 3.358-3.361, 1995.

TSO, T. C. Seed to smoke. In: DAVIS, D.L.; NIELSEN, M. T. (Ed.). **Tobacco: production, chemistry and technology**. London: Blackwell, 1999. p. 1-31.

UCHIYAMA, H.; CHEN, K.; WILDMAN, S. G. Polypeptide composition of fraction I protein as an aid in the study of plant evolution. **Stadler Symposium**, Columbia, v. 9, p. 83-99, 1977.

VOLKOV, R. A.; BORISJUK, N. V.; PANCHUK, I. I.; SCHWEIZER, D.; HEMLEBEN, V. Elimination and rearrangement of parental rDNA in the allotetraploid *Nicotiana tabacum*. **Molecular Biology and Evolution**, Oxford, v. 16, p. 311-320, 1999.

WENDEL, J. F.; SCHNABEL, A.; SEELANAN, T. Bidirectional interlocus concerted evolution following allopolyploid speciation in cotton (*Gossypium*). **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 92, p. 280-284, 1995.



Gérbera

Um capítulo à parte

Foto: Rosa Lía Barbieri





érbera

Síntia Zitzke Fischer

O homem possui uma necessidade intrínseca de se relacionar com a natureza. E busca esta proximidade com as flores e plantas ornamentais em jardins ou em arranjos florais. O difícil é classificar o que é ornamental, conceito muitas vezes subjetivo, que depende da percepção de cada pessoa. Kant, por exemplo, define o belo como o que é representado sem conceitos, como objeto de uma satisfação universal. Não recorrendo a conceitos, os juízos de gosto são singulares, imediatamente referidos ao sentimento de prazer ou desprazer provocado (CERÓN; REIS, 1999). A gérbera, com certeza, é uma planta que não passa despercebida. Alguns autores a citam como a mais “exuberante” da família, famosa por sua falta de modéstia na apresentação floral (MALITZ, 1996). Esse fato é justificável, em virtude de suas cores chamativas e variadas, tamanho e forma de inflorescência, que elevam a gérbera ao status de uma das dez plantas com fins ornamentais mais cultivadas e comercializadas no mundo (HAMRICK, 2003).

Classificação botânica e origem

O gênero *Gerbera* L. pertence à família Asteraceae, uma das maiores e mais conhecidas famílias de plantas, que possui mais de 1.500 gêneros (BREMER, 1994). A família Asteraceae apresenta grandes contribuições para a floricultura com vários gêneros de importância, como *Aster*, *Chrysanthemum*, *Calendula*, *Centaurea*, *Dahlia*, *Solidago*, *Helianthus*, tanto para paisagismo ou vaso quanto para flor de corte (EMONGOR, 2004). É classificada na tribo Mutisieae, que compreende cerca de 76 gêneros. Essa tribo compreende a linhagem basal da família e se divide nas subtribos Nassauviinae e Mutisiinae s.l. A gérbera cultivada pertence a esta última (BREMER, 1994).

O gênero compreende cerca de 30 espécies distribuídas, principalmente, na África, em Madagascar e na Ásia tropical. Algumas espécies ocorrem nas Américas do Sul e Central (BREMER, 1994). As espécies que ocorrem na América do Sul são *G. hieracioides* (Kunth) Zardini, endêmica da fronteira entre Peru e Equador (W3 TROPICOS, 2006), e *G. hintonii* (Bullock) Katinas, ocorrente no México (KATINAS, 1998).

A espécie mais conhecida do gênero é *G. jamesonii* Bolus ex Hook., nativa da região do Transvaal, na África do Sul, seguida por *G. viridifolia* (DC.) Sch. Bip., nativa da região de KwaZulu-Natal, na África do Sul. Essas duas espécies originaram as variedades atualmente em cultivo.

História e evolução

O gênero *Gerbera* foi descrito e publicado em 1758 (W3 TROPICOS, 2006) e o epíteto genérico é uma homenagem ao médico alemão Tragoutt Gerber (BARROSO et al., 1991). Gerber foi diretor do antigo Jardim Botânico de Moscou e realizou importantes expedições de coleta de plantas pela Rússia (GERBERA ASSOCIATION, 2006).

A espécie *G. jamesonii* foi a primeira contribuição de coleta ao Jardim Botânico de Durban, África do Sul, feita pelo escocês Robert Jameson. A coleta foi realizada por volta de 1880, quando trabalhava em uma companhia de exploração e mineração de ouro em Barbeton, na África do Sul. Ele coletou a nova planta e enviou para o Jardim Botânico, onde ela foi identificada pela primeira vez por Harry Bolus, na Cidade do Cabo, África do Sul. Bolus enviou exsicatas para o Herbário do Royal Botanic Gardens, Kew, na Inglaterra, com a sugestão do nome *G. jamesonii* em homenagem ao seu primeiro coletor. John Medley Wood, então diretor do Jardim Botânico de Durban, enviou plantas vivas ao Royal Botanic Gardens, Kew, onde foi, pela primeira vez, feita a ilustração botânica colorida e uma descrição formal da espécie por J. D. Hooker, com o nome de *G. jamesonii* Bolus ex. Hook. Foram também enviados propágulos ao Jardim Botânico de Cambridge, onde Richard Irwin Lynch, horticultor local, iniciou, 30 anos depois, um programa de melhoramento que resultou em diferentes variedades. A planta passou a ser notada e exibida pela beleza de suas inflorescências. Em 1912, no jubileu da Sociedade Real de Horticultura de Chelsea, Inglaterra, foram feitas duas grandes exposições de híbridos de gérbera. A gérbera tornou-se rapidamente popular na Holanda e sua fama correu o mundo (ROGERS; TJIA, 1990).

No Sul do Brasil, *G. jamesonii* está presente há muitos anos em jardins antigos. A espécie foi provavelmente trazida pelos imigrantes europeus no século 19. É interessante salientar que não existe comercialização de mudas dessas plantas antigas. O que ocorre, em geral, são trocas entre vizinhos, uma vez que pode ser multiplicada por divisão de touceira. A espécie está de tal forma difundida, principalmente em cidades de colonização alemã do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina, que foi inclusive descrita na Flora Ilustrada Catarinense (CABRERA; KLEIN, 1973). A planta descrita foi coletada na cidade de Brusque, em Santa Catarina, em 1970, e citada por suas características ornamentais.

Comercialmente, a gérbera chegou ao Brasil no início da década de 1970, por intermédio dos descendentes de holandeses, que já produziam flores em Holambra, na região metropolitana de Campinas, no Estado de São Paulo. A partir de 1977, teve início a produção de mudas micropropagadas, por meio de parceria com empresas da Holanda.

As variedades modernas de *G. hybrida* são originadas dos primeiros cruzamentos de *G. jamesonii* x *G. viridifolia* denominadas por Lynch, primeiramente, de *Gerbera* x *cantebrigiensis* (ELOMAA; TEERI, 2001). Atualmente, o melhoramento genético é realizado simultaneamente nos Estados Unidos, no Japão e na Europa, sobretudo na Holanda, na França e na Alemanha. As maiores empresas de melhoramento de gérberas estão localizadas na Holanda, principal centro de referência em floricultura, que produz plantas com maior produtividade e qualidade (ROGERS; TJIA, 1990). Hoje a gérbera é conhecida como uma das mais importantes plantas dentro do mercado da floricultura, juntamente com as rosas (*Rosa* spp.), os crisântemos (*Dendranthema grandiflorum*), os cravos (*Dianthus* spp.) e as tulipas (*Tulipa* spp.) (ELOMAA; TEERI, 2001).

As gérberas, juntamente com os crisântemos, são citadas como exemplos bem sucedidos do desenvolvimento do melhoramento de flores, pela modificação alcançada na expressão da cor das inflorescências (KAMEMOTO; KUEHNLE, 1996). Atualmente são utilizadas técnicas de transgenia para que sejam alcançados os objetivos dos melhoristas, beneficiados pelos primeiros programas de hibridação convencional, os quais ofereceram uma elite de genótipos com grande variabilidade de cor, combinada com boa produtividade. Os programas de melhoramento de gérbera visam salientar características estéticas, como cor e morfologia, e características econômicas, como produtividade, tempo e sincronia de florescimento, durabilidade pós-colheita e resistência a insetos e a fungos (ELOMAA; TEERI, 2001). Todos os anos, são lançadas

novas variedades, uma vez que o mercado da floricultura é bastante dinâmico e está em constante mudança, buscando novas formas e cores de plantas já conhecidas, assim como novas espécies (WEISS, 2002).

Citogenética e morfologia

G. jamesonii é uma espécie diplóide (JAIN et al., 1996) e há uma controvérsia na literatura com relação ao seu número cromossômico. Alguns autores sugerem um número cromossômico básico de $n=24$ (PLATANOVA et al., 1985), enquanto outros apresentam $n=25$ (MEHRA; REMANANDAN, 1976).

As gérberas possuem hábito herbáceo, crescem em forma de roseta na fase vegetativa e, na fase reprodutiva, emitem um escapo floral solitário (BREMER, 1994).

A inflorescência é do tipo “capítulo”, característica das plantas da família Asteraceae. As flores que formam o capítulo variam no sexo, simetria e presença de antocianina. O capítulo de gérbera é formado por três tipos de flores bem distintas: as do disco, as intermediárias e as do raio (YU et al., 1999). As flores que compõem o raio são femininas, com estame ausente ou atrofiado, popularmente chamadas de “pétalas” e dão cor à inflorescência, enquanto as do disco, ou “miolo”, são andróginas (BARROSO et al., 1991). A antese inicia nas flores centrais pela deiscência dos estames (YU et al., 1999), a qual irá determinar o ponto de colheita estabelecido pela abertura de duas fileiras de estames (TERRA NIGRA, 2000?). Algumas variedades apresentam flores intermediárias ou de transição entre as do disco e as do raio. Frequentemente são encontradas flores estéreis.

De acordo com a forma, as gérberas são classificadas em *Gerbera*, *Mini Gerbera* e *Spider Gerbera* (SCACE, 2000). Comercialmente, são classificadas em *Germi* (inflorescência menor, com diâmetro de 6 cm a 8 cm), *Standard*

(inflorescência com 11 cm a 13 cm de diâmetro), *Muppet* (“pétalas” cruzadas de aproximadamente 7 cm de diâmetro), *Springs* (“pétalas” cruzadas com cerca de 12 cm de diâmetro) e *Giant* (inflorescência maior, com 12 cm a 14 cm de diâmetro).

As variedades no mercado apresentam uma gama de cores que vai do branco ao vermelho, passando por diversas tonalidades de amarelo e laranja, além dos tons de rosa. As flores centrais podem, ainda, ser verdes, marrons ou negras (TERRA NIGRA, 2005). As antigas variedades de *G. jamesonii*, utilizadas nos jardins brasileiros, apresentam cores em tons de rosa, laranja, amarelo e creme. Elas florescem no inverno e na primavera e estão adaptadas ao clima temperado da Região Sul do País.

Usos e propagação

As variedades modernas, híbridas, podem ser produzidas em vasos, jardins ou como flores de corte para a confecção de arranjos (HAMRICK, 2003). As flores de corte podem ser utilizadas como flores principais, como flores secundárias ou de preenchimento. As flores principais, categoria onde as gérberas se encaixam, são o foco de atenção em um arranjo. As flores com formatos arredondados são utilizadas, na arte floral, em conjunto com outros formatos, como espiga ou multidirecional, para dar proporção, balanço, ritmo, harmonia e unidade às composições, que são princípios básicos da arte floral. A gama de cores das gérberas a coloca, ainda, como ótima opção para formar contrastes ou harmonia nas cores utilizadas para compor arranjos (SCACE, 2000).

Em plantas utilizadas para cultivo em vaso, a multiplicação, em geral, ocorre por meio de sementes. A divisão de touceira, que não é comercialmente utilizada, é praticada em jardins residenciais, enquanto a multiplicação *in vitro*, que origina clones da planta-mãe, com uniformidade, é a mais empregada comercialmente (HAMRICK, 2003).

Cultivo e principais pragas e doenças

A gérbera pode ser cultivada em qualquer tipo de clima e região do mundo. Para cultivos comerciais, no entanto, é indicado o cultivo em ambiente protegido, por causa da fragilidade das flores, que podem sofrer danos pela ação de ventos e chuva. Seu cultivo é relativamente simples, mas requer muita mão-de-obra, principalmente na colheita e pós-colheita dos escapos (TERRA NIGRA, 2000?). Estão sendo utilizadas novas tecnologias de produção de gérberas de corte, por meio do cultivo conduzido em vasos que contêm substrato. Esse tipo de produção é interessante, porque diminui o consumo de água e contaminações do solo por lixiviação de nutrientes, podendo, até mesmo, diminuir o ataque de pragas e doenças.

É uma planta que prefere solos bem drenados, com uma fertilização moderada, pH em torno de 6,0 e temperaturas amenas, entre 20 °C a 25 °C. O ambiente exerce grande influência sobre as plantas, e a temperatura do ar exerce influência direta sobre a emissão e o crescimento das folhas e sobre a precocidade da floração (GUISELINI, 2002). A luminosidade, igualmente, é um fator limitante no cultivo. É necessária uma intensa insolação para a planta apresentar um desenvolvimento pleno (HAMRICK, 2003).

As principais pragas são a lagarta minadora (*Liriomyza* spp.), tripes (*Thrips* spp.), ácaros (*Tetranychus* spp.), pulgão verde (*Aphis gossypii*), além de lesmas que causam sérios danos aos botões em formação. As doenças mais frequentes são botritis (*Botrytis cinerea*), fitóftora (*Phytophthora infestans*) e oídio (*Erysiphe cichorocephala*) (HAMRICK, 2003). Para conter os ataques de pragas e a contaminação por doenças, é necessário ter uma boa circulação de ar no ambiente e, no caso de cultivos comerciais, são necessárias aplicações preventivas de produtos fitossanitários adequados.

Perspectivas

Ao longo dos últimos anos, a gérbera vem ganhando o mercado da floricultura, estando entre as cinco flores de corte mais vendidas no Brasil (FLORTEC, 2002). No Rio Grande do Sul, perde apenas para as rosas e os crisântemos (SEBRAE, 2003).

O consumo de gérbera no Brasil tende a crescer, à medida que ela se torna mais conhecida e por ser uma flor que se adapta perfeitamente à confecção de arranjos. Sua versatilidade de uso, tanto em vaso quanto para corte, bem como suas características estéticas e o fato de possuir excelente durabilidade pós-colheita fazem que alcance elevado status entre os consumidores.

Referências

- BARROSO, G. M.; PEIXOTO, A. L.; ICHASO, C. L. F.; COSTA, C. G.; GUIMARÃES, E. F. ; LIMA, H. C. **Sistemática de angiospermas do Brasil**. Viçosa: UFV, 1991. v. 3. 326 p.
- BREMER, K. **Asteraceae: cladistics and classification**. Portland: Timber, 1994. 728 p.
- CABRERA, A. L.; KLEIN, R. M. **Flora ilustrada catarinense: compostas**. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues, 1973. 124 p.
- CERÓN, I. P.; REIS, P. **Kant: crítica e estética na modernidade**. São Paulo: Senac, 1999. 148 p.
- ELOMAA, P.; TEERI, T. H. Transgenic gerbera. In: BAJAI, Y. P. S. **Transgenic crops III**. Berlin: Springer, 2001. 370 p.
- EMONGOR, V. E. Effects of gibberellic acid on postharvest quality and vase life of Gerbera cut flowers (*Gerbera jamesonii*). **Journal of Agronomy**, Faisalabad, v. 3, n. 3, p. 191-195, 2004.
- FLORTEC. **Curso: produção de flores de corte**. Holambra, 2002. 1 CD-ROM.
- GERBERA ASSOCIATION. **The gerbera association: gerbera**. Disponível em: <<http://www.gerbera.org/index.html>>. Acesso em: 14 jun. 2006.
- GUISELINI, C. **Microclima e produção de gérbera em ambiente protegido com diferentes tipos de cobertura**. 2002. 53 f. Dissertação (Mestrado em Física do Ambiente Agrícola) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- HAMRICK, D. **Ball redbook: crop production**. Batavia: Ball, 2003. 724 p.
- JAIN, S. M.; SOPORY, S. K.; VEILLEUX, R. E. **In vitro production in higher plants**. Dordrecht: Springer, 1996. 368 p.
- KAMEMOTO, H.; KUENHLE, A. R. **Breeding anthuriuns in Hawaii**. Hawaii: University of Hawaii Press, 1996. 168 p.

- KATINAS, L. The Mexican *Chaptalia hintonii* Hansen, H. V. 1990. is a *Gerbera* (Asteraceae, Mutisieae). **Novon**, Saint Louis, v. 8, p. 380-385, 1998.
- MALITZ, J. **Plants for the future: a gardener's wishbook**. Portland: Timber, 1996. 224 p.
- MEHRA, P. N.; REMANANDAN, P. Cytological investigations on Indian Compositae V tribes: Arctotideae, Cynareae, Calendulae and Mutiseae. **Nucleus**, Calcuta, v. 19, p. 8-12, 1976.
- PLATANOVA, R. N.; ABYSOVA, L. V.; SLUSARENKO, A. G. Microsporogenesis and gametogenesis in *Gerbera* (*Gerbera jamesonii*). **Izvestiya Akademii Nauk SSSR – Seriya Biologicheskaya**, Moscou, v. 5, p. 666-673, 1985.
- ROGERS, M. N.; TJIA, B. O. **Gerbera production for cut flowers and pot plants**. Portland: Timber, 1990. 116 p.
- SCACE, P.D. **The floral artist's guide: a reference to cut flowers and foliage**. New York: Thomson Delmar Learning, 2001. 228 p.
- SEBRAE. **Diagnóstico da cadeia produtiva de flores e plantas ornamentais do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: Vangraf, 2003. 159 p.
- TERRA NIGRA. **Color vision: gerbera**. Kudelstaart, 2005. 31 p.
- TERRA NIGRA. **Informações sobre o cultivo de gérbéras**. Kwkel, [2000 ?]. 27 p.
- W3 TROPICOS. **Missouri Botanical Garden's VAST (VAscular Tropicos): gerbera**. Disponível em <http://mobot.mobot.org/cgi-bin/search_vast>. Acesso em: 07 jul. 2006.
- WEISS, D. Introduction of new cut flowers: domestication of new species and introduction of new traits not found in commercial varieties. In: VAINSTEIN, A. **Breeding for ornamental**. Dordrecht: Springer, 2002. 450 p.
- YU, D.; KOTILAINEN, M.; PÖLLÄNEN, E.; MEHTO, M.; ELOOMA, P.; HELARIUTTA, Y.; ALBERT, V. A.; TEERI, T. H. Organ identity genes and modified patterns of flower development in *Gerbera hybrida* (Asteracea). **The Plant Journal**, Oxford, v. 17, n. 1, p. 51-62, 1999.



Goiabeira-serrana

Domesticação

Foto: José Eduardo Figueiredo Dornelles





oiabeira-serrana

Rubens Onofre Nodari
Karine Louise dos Santos
Jean Pierre Ducroquet
Miguel Pedro Guerra

Exemplo de riqueza da diversidade brasileira, a Região Sul do Brasil apresenta várias espécies frutíferas nativas com potencial de uso, como a pitangueira (*Eugenia uniflora* Linn.), o araçazeiro (*Psidium cattleianum* Sabine), o sete-capoteiro (*Campomanesia guazumifolia* (Camb.) Berg), a guabirobeira (*Campomanesia xanthocarpa* Berg), a cerejeira (*Eugenia involucrata* DC.) e, especialmente, a goiabeira-serrana (*Acca sellowiana* (Berg) Burret) (REITZ et al., 1978).

Contudo, na maioria dos casos há poucos estudos sobre a origem, a evolução e o uso dessas espécies em seu centro de origem e de diversidade, embora elas apresentem grande potencial quando comparadas às espécies frutícolas comumente cultivadas. Nesse sentido, este trabalho descreve os principais aspectos relacionados à domesticação da goiabeira-serrana, espécie frutífera nativa dos planaltos meridionais do Brasil e nordeste do Uruguai, a qual está sendo alvo de coleta, de caracterização, de melhoramento, de propagação, de uso e de conservação genética.

Taxonomia

Coletada em 1819 pelo botânico Friedrich Sellow, de onde deriva o epíteto específico *sellowiana*, a goiabeira-serrana foi inicialmente descrita por Berg, em 1856, como *Orthostemon sellowianus* e, em 1859, como gênero *Feijoa*, em homenagem a João Silva Feijó, botânico brasileiro do século 19. Nesse gênero, foram incluídas as espécies *F. sellowiana*, coletada no Rio Grande do Sul e no Uruguai, e *F. obovatai*, coletada no Município de São Francisco de Paula, na serra nordeste do Rio Grande do Sul. Em 1893, ainda foi identificada uma terceira espécie, *F. schenckiana*, coletada em Santa Catarina (MATTOS, 1969). Posteriormente, as três espécies foram reunidas em apenas uma, a *Feijoa sellowiana* (Berg) (MATTOS, 1969, 1986).

Em 1941, o botânico alemão Max Burret incorporou as espécies do gênero *Feijoa* ao gênero *Acca* O. Berg, mais antigo, em razão da grande similaridade nas estruturas florais e nas sementes das espécies peruanas pertencentes a este último gênero, que são *A. lanuginosa* (Ruiz & Pav. ex G. Don) McVaughan e *A. macrostema* (Ruiz & Pav. ex G. Don) McVaughan (MATTOS, 1986; CACIOPPO, 1988; THORP; BIELESKI, 2002).

Descrição botânica

A. sellowiana pertence à ordem Myrtales, família Myrtaceae, subfamília Myrtoideae, tribo Myrteae (CRONQUIST, 1981). A família Myrtaceae é constituída por mais de 3.600 espécies, distribuídas nas subfamílias Leptospermoideae e Mirtoideae, das quais a primeira é amplamente distribuída na Austrália, e a segunda, na América e na Ásia tropical (CRONQUIST, 1981). A planta é conhecida popularmente pelos nomes de goiabeira-serrana, goiabeira-do-mato, goiabeira-da-serra ou feijoa. Segundo Ducroquet (1993), o povo indígena Kaingang a chama de “kanê kriyne”. Como não há tradução para o português, o termo quirina poderia ser eventualmente utilizado.

A planta adulta exibe altura de 4 m a 8 m, com ramos cilíndricos, acinzentados, glabros e folhas opostas e pecioladas. As flores possuem quatro pétalas carnosas e comestíveis, as quais se apresentam brancas externamente e púrpuras internamente. Os numerosos estames também se apresentam na cor púrpura (MATTOS, 1986; THORP; BIELESKI, 2002).

Os frutos podem atingir até 250 g, com epiderme variando do verde-escuro ao verde-amarelado, e polpa predominantemente de cor gelo. A maturação e a colheita ocorrem no período de março a maio, quando os frutos se desprendem das plantas (DUCROQUET et al., 2000). O fruto é apreciado nas serras e nos planaltos da Região Sul do Brasil, bem como no nordeste do Uruguai, onde a espécie é de ocorrência natural, estando perfeitamente adaptada às condições edafoclimáticas prevalentes.

Vários estudos realizados comprovaram propriedades farmacológicas em *A. sellowiana*, demonstrando que o fruto apresenta atividade bactericida e antioxidante. A presença de flavonóides nos frutos parece ativar o sistema imunológico humano, em resposta a processos inflamatórios, e alguns estudos também relacionam seu consumo a efeitos antialérgicos (BASILE et al., 1997; VUOTTO et al., 2000; IELPO et al., 2000) ou à ação anticancerígena (BONTEMPO et al., 2007). Ainda de acordo com o conhecimento popular, a infusão das folhas é empregada em casos de distúrbios gastrointestinais (BASILE et al., 1997; THORP; BIELESKI, 2002).

Caracterização genética

As populações naturais apresentam grande variabilidade para a maioria das características morfológicas, em parte, decorrente da alogamia e, em parte, pelo fato de as populações estudadas terem sido coletadas num centro de diversidade, o Sul do Brasil, possivelmente centro de origem da espécie.

A variabilidade fenotípica é expressa principalmente com relação à distribuição dos estames e à distância entre estigma e estame nas flores; ao tamanho, à forma e ao sabor do fruto; espessura e superfície da casca (DEGENHARDT et al., 2001); forma e coloração das folhas; inserção das pétalas; arquitetura da planta, entre outros (DUCROQUET et al., 2000).

A variabilidade da espécie foi inicialmente agrupada em dois tipos morfológicos, que apresentam características distintas principalmente com relação às plantas (THORP, 1988; FRANÇA, 1991). O grupo típico ou tipo Brasil apresenta plantas com folhas de face abaxial verde-clara, pilosidade esbranquiçada curta e rala, e frutos com sementes grandes (de 0,45 a 0,60 g para 100 sementes). O tipo Uruguai apresenta plantas com folhas de face abaxial branco-acinzentada, com densa pilosidade branca tipo feltro e sementes pequenas (de 0,20 g para 100 sementes) (DUCROQUET et al., 2000; THORP; BIELESKI, 2002).

Uma segunda distinção entre os tipos pode ser feita de acordo com a origem geográfica do germoplasma. Segundo Ducroquet et al. (2000), os acessos do tipo Brasil são encontrados nos bosques e nos capões de encosta, que caracterizam as áreas de campos de altitude do Brasil meridional, mais especificamente nas regiões serranas do nordeste do Rio Grande do Sul, de Santa Catarina e nas regiões mais altas de Palmas e Guarapuava, no Paraná. Nesses locais, podem ocorrer geadas e temperaturas de até -10 °C e temperatura média anual inferior ou próxima de 16 °C. O relevo favorece a formação de bosques e matas ralas de araucária, independentemente do tipo de solo. As plantas do tipo Uruguai, procedentes principalmente do norte do Uruguai, aparecem também nos bosques das serras do sudoeste do Rio Grande do Sul e nas áreas de maior altitude do Uruguai, com temperatura média anual também por volta de 16 °C (NODARI et al., 1997; DUCROQUET et al., 2000).

A variabilidade genética da espécie foi avaliada, no Brasil, nos acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de

Santa Catarina (Epagri) ou em outras coleções e populações não manejadas, pela utilização de isoenzimas, marcadores RAPD (Random Amplified Polimorphic DNA) e marcadores microssatélites. A utilização de isoenzimas para a caracterização dos acessos do BAG de São Joaquim revelou uma alta variabilidade genética entre eles, com 82 % de locos polimórficos (NODARI et al., 1997).

Os marcadores moleculares do tipo RAPD foram empregados em Santa Catarina, revelando alta variabilidade genética (WELTER et al., 1999). Na Itália, marcadores RAPD também foram utilizados para discriminar 25 acessos e cultivares de goiabeira-serrana introduzidos naquele país, onde se suspeita que a grande similaridade entre eles seja devida à introdução de poucos indivíduos (DETTORI; PALOMBI, 2000), o que corrobora com a constatação de Ducroquet et al. (2000), sobre a estreita base genética em cultivo.

A partir da transferibilidade de marcadores microssatélites do gênero *Eucalyptus* (SANTOS et al., 2007), foi possível aprimorar estimativas de variabilidade genética da goiabeira-serrana, destacando uma tendência de menor variabilidade para o tipo Uruguai, comparativamente ao tipo Brasil (SANTOS et al., 2002). Posteriormente, o desenvolvimento de microssatélites específicos permitiu a ampliação da caracterização genética também para populações manejadas por agricultores, com o objetivo de avançar no conhecimento sobre o processo de domesticação e conservação *on farm* da espécie.

Histórico da disseminação antrópica

A espécie *A. sellowiana* é conhecida no seu centro de origem, principalmente, pela população de origem rural. Para o resto da população brasileira, ainda é considerada como fruta exótica. Entretanto, a goiabeira-serrana percorreu o mundo e atualmente é cultivada em vários países.

Das áreas de ocorrência natural, em 1890, a espécie foi levada, inicialmente, para a França, a partir do Uruguai, por Eduard André, de onde foi introduzida na Califórnia, em 1901. De lá foi levada para a Nova Zelândia, onde teria chegado em 1908. Em 1903, foi levada para a Flórida, onde se tornou popular como planta ornamental (MORTON, 1987). Em 1900, foi introduzida na Criméia, de onde se espalhou pelas regiões caucasianas que margeiam o Mar Negro e o Mar Cáspio, tendo chegado ao Azerbaijão e à Geórgia, onde iniciou expansão comercial significativa. Todavia, o germoplasma disponível nesses países apresenta base genética restrita, uma vez que resulta, em sua maioria, da introdução inicial feita pela França, a partir de poucas plantas (SHARPE et al., 1993).

Atualmente a goiabeira-serrana é cultivada comercialmente na Nova Zelândia, na Califórnia (Estados Unidos), nas repúblicas caucasianas da Geórgia e do Azerbaijão, na Colômbia e em Israel (HEWETT, 1993; DUCROQUET et al., 2000). A Nova Zelândia e a Colômbia são os principais produtores. Nos últimos anos, a Colômbia vem ampliando a área de cultivo, em face do aumento do consumo e da exportação do fruto, até mesmo para o Brasil. Por sua vez, na Nova Zelândia, que ainda é a principal produtora da fruta, existem 235 produtores, que cultivam 217 ha, com produção média de 950 toneladas por safra (THORP; BIELESKI, 2002).

No Brasil, existem apenas alguns pequenos pomares em Santa Catarina, no Rio Grande do Sul, na Serra da Mantiqueira e entre os estados de São Paulo e de Minas Gerais; porém, com cultivo pouco expressivo (DEGENHARDT, 2001). Com o auxílio dos agricultores, foi possível a coleta de exemplares em Santa Catarina, a partir dos quais foi instalado o primeiro Banco Ativo de Germoplasma da espécie, estabelecido inicialmente na Estação Experimental de Videira, Santa Catarina (DUCROQUET, 1993; DUCROQUET e HICKEL, 1996).

Distribuição geográfica e adaptabilidade

A região serrana catarinense, o nordeste do Rio Grande do Sul e o nordeste do Uruguai são consideradas áreas de ocorrência natural da goiabeira-serrana. Fora dessas regiões, existem pequenos núcleos disseminados desde o sul do Paraná até o sul do Uruguai (DUCROQUET et al., 2000; THORP; BIELESKI, 2002). Embora alguns autores ainda atribuam sua origem também à Argentina e ao Paraguai, em virtude das descrições de Popenoe em 1912 (DAWES; PRINGLE, 1983; MORTON, 1987; SEIDEMANN, 1994), há falta de evidências no tocante à ocorrência espontânea da espécie nesses dois países (DUCROQUET et al., 2000).

No Brasil, a espécie é encontrada nos bosques e capões de encosta que caracterizam as áreas de campos de altitude do Brasil meridional, mais especificamente nas regiões serranas do nordeste e sudoeste do Rio Grande do Sul, de Santa Catarina e nas regiões mais altas de Palmas e Guarapuava, no Paraná, raramente sendo encontrada em locais com altitudes inferiores a 800 m. Nesses locais, podem ocorrer geadas e temperaturas de até -10 °C e temperatura média anual abaixo ou próxima de 16 °C. O relevo favorece a formação de bosques e matas ralas de araucária, independentemente do tipo de solo. Já no Uruguai, a ocorrência natural pode ser observada nas áreas de maior altitude do nordeste, com temperatura média anual também por volta dos 16 °C (LEGRAND; KLEIN, 1977; DUCROQUET; RIBEIRO, 1991; NODARI et al., 1997; DUCROQUET et al., 2000).

Ecologia e adaptação da espécie

A mosca-das-frutas (*Anastrepha fraterculus*) e o gorgulho (*Conotrachelus* spp.) são considerados as pragas mais problemáticas para o cultivo da goiabeira-serrana (DUCROQUET et al., 2000).

Entre as doenças, destaca-se a antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum gloeosporioides*, que provoca o tombamento de plântulas, a perda de mudas, o dessecamento de ramos e a morte das plantas adultas. Nos frutos, os sintomas são manchas escuras deprimidas, com a parte central de coloração rósea. A doença pode danificar até 100 % de frutos jovens ou próximos da maturação (ANDRADE; DUCROQUET, 1994; DUCROQUET et al., 2000).

Nesse sentido, fatores abióticos e bióticos que circundam o ambiente natural da planta adquirem fundamental importância para o cultivo, assim como no processo co-evolucionário, exigindo grande esforço dos programas de melhoramento genético no desenvolvimento de genótipos para cultivo comercial em larga escala.

O fato de a espécie possuir grande tolerância ao frio e apresentar floração tardia diminui o risco de perda da produção de frutos (DUCROQUET et al., 2000), indicando a melhor adaptação da espécie às condições climáticas do Planalto Meridional Brasileiro (SANTOS, 2005). A ocorrência de temperaturas altas, quando associadas a elevadas precipitações pluviométricas, aumenta a incidência de doenças, em especial a antracnose (DUCROQUET et al., 2000).

Importância socioeconômica

Na Região Sul do País, a goiabeira-serrana apresenta-se como alternativa para a produção comercial de frutos, como planta ornamental ou, ainda, é indicada para reflorestamento nas margens de rios e reservatórios de usinas hidroelétricas (REITZ et al., 1988).

Na Nova Zelândia, o comércio de frutos de goiabeira-serrana movimentou um montante de U\$ 600 mil, dos quais U\$ 150 mil são provenientes de sua exportação. O valor médio de comercialização dos frutos oscila em

torno de U\$ 4,00/kg e apresentava, em 2002, tendência de aumento no valor (THORP; BIELESKI, 2002).

No Brasil, estudos mercadológicos desenvolvidos em dois centros comerciais de Santa Catarina (Florianópolis e Blumenau) demonstram a existência de um mercado promissor (BARNI et al., 2004).

Além do consumo in natura, os frutos podem ser processados de várias maneiras, na produção de sucos, de geléias e de sorvetes, entre outras (SHARPE et al., 1993), além de na produção artesanal de bebidas. Na Nova Zelândia, já são vários os produtos derivados da goiabeira-serrana: geléia, sorvete, espumante, suco puro, sucos misturados com outras frutas, néctar, molho e alimentos processados (THORP; BIELESKI, 2002). Na região de São Joaquim, em Santa Catarina, há produção, ainda em escala artesanal, de doces, geléias, goiabadas, licores e sucos (MATTOS, 1986).

Associado a esse potencial, a adaptabilidade que a espécie apresenta à região meridional brasileira a torna uma excelente alternativa para a agricultura familiar da região.

Conservação *in situ* e *ex situ*

Em 1986, prevendo a exploração comercial da goiabeira-serrana, pesquisadores da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Santa Catarina (Empasc), hoje Epagri, iniciaram estudos visando ao resgate do germoplasma silvestre ou cultivado na Região Sul do Brasil. Os objetivos iniciais eram a conservação da variabilidade genética da espécie, com a finalidade de torná-la acessível para os futuros programas de melhoramento e para a seleção de clones aptos ao cultivo comercial, que, uma vez multiplicados vegetativamente, constituiriam as primeiras cultivares à disposição dos produtores (DUCROQUET; RIBEIRO, 1991).

Assim, o BAG da espécie foi implantado na Estação Experimental de Videira, SC (Epagri). A partir de 1990,

no entanto, a antracnose passou a causar perdas expressivas ao BAG e ao programa de multiplicação de mudas, em virtude da morte das plantas. Em 1991, os primeiros acessos introduzidos começaram a apresentar, em praticamente todos os frutos, manchas de antracnose, sendo poucos os frutos que chegavam à maturação completa na planta (ANDRADE; DUCROQUET, 1992; DUCROQUET; BONIN, 1999). Por apresentar condições climáticas menos favoráveis ao estabelecimento da doença, o BAG foi transferido, em 1995, para a Estação Experimental da Epagri, em São Joaquim. Atualmente, possui mais de 200 acessos, a maioria procedente de Santa Catarina, além de 10 exemplares oriundos da Nova Zelândia e da Califórnia (Estados Unidos).

Além do BAG existente em São Joaquim, amostras representativas de várias populações estão sendo mantidas, em coleção *ex situ*, na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen). Existem ainda coleções de germoplasma em outras partes do mundo, como Itália, Nova Zelândia, Colômbia e regiões costeiras da Ucrânia, da Geórgia e do Azerbaijão (DUCROQUET et al., 2000).

Em virtude da incidência de alelos raros, distribuídos em acessos oriundos de diferentes populações (SANTOS et al., 2002), existe a preocupação de se efetuar coletas com o intuito de conservar *ex situ* a maior quantidade possível da variação e evitar a perda desses alelos. Mas, considerando-se que existem muitas populações de ocorrência natural no Sul do Brasil, a conservação *in situ* ainda é a principal forma de conservação e o maior repositório de genes. Esses genes são quase totalmente desconhecidos e, por sua vez, sofrem a ameaça da erosão genética, principalmente a ocasionada pela remoção da vegetação nativa e pela utilização da área para atividades agropecuárias, entre elas a bovinocultura e o florestamento de *Pinus* sp.

Melhoramento genético

Ainda que o Brasil seja o provável centro de origem e diversidade, não foi aqui que se iniciou o melhoramento da espécie. Thorp e Bielecki (2002) relatam tentativas de cultivo ou de experimentos em vários países como França, Itália, Israel, Uruguai e Espanha. Outros países como Estados Unidos, Nova Zelândia, Colômbia e Rússia, e outras repúblicas do Mar Negro, desenvolveram cultivares a partir de germoplasma do tipo Uruguai e de estreita base genética, para cultivo comercial local. No início da década de 1950, três variedades principais já existiam na Califórnia: Coolidge, Choiciana e Superba (DAWES; PRINGLE, 1983).

Os programas de melhoramento para a espécie na Nova Zelândia também tiveram início na década de 1950, culminando com o lançamento, após 1979, das cultivares Apollo, Unique, Gemini, Opal Star, Pounamu e Kakapo (DAWES; PRINGLE, 1983; DUCROQUET et al., 2000). O fato de essas cultivares apresentarem base genética restrita, obtidas basicamente a partir de materiais do tipo Uruguai, abre espaço para combinações via seu cruzamento com germoplasma do tipo Brasil, mantido no centro de origem, visando à incorporação de novas características desejáveis nos programas de melhoramento (DAWES; PRINGLE, 1983; DUCROQUET; RIBEIRO, 1991).

Duas estratégias básicas de melhoramento estão sendo utilizadas no Brasil para o desenvolvimento de novas variedades. A primeira delas consiste no estabelecimento de genótipos previamente selecionados a campo e propagados vegetativamente a partir da avaliação do desempenho agrônomico e do grau de adaptação em diferentes regiões de Santa Catarina. A segunda estratégia consiste na avaliação de populações F_1 , oriundas do cruzamento de genitores previamente selecionados e da seleção de plantas consideradas superiores pelos seus atributos agrônomicos no âmbito de populações segregantes. Enquanto a primeira estratégia tem como finalidade obter tipos superiores em curto prazo, a segunda

visa retorno em longo prazo. Com base nesse procedimento, três clones foram selecionados a fim de que fossem lançados como cultivares. Grandes progressos são esperados com a busca de novas combinações alélicas, os quais visam a maior uniformidade de frutos, maior rendimento em polpa e maior resistência a doenças, especialmente, a antracnose. As duas primeiras cultivares melhoradas, resultantes das duas estratégias, 'Alcântara' e 'Helena', respectivamente, foram lançadas no dia 3 de abril de 2007, decorrente da parceria entre a Epagri e a UFSC (Fig. 1a e 1b).

Em 2006, foi iniciado um trabalho de avaliação do potencial de plantas mantidas e manejadas por agricultores e do conhecimento tradicional associado à espécie, no intuito de implementar um programa de melhoramento genético participativo e de conservação *in situ on farm* (Fig. 2).

Fotos: Karine Louise dos Santos



Fig. 1. Variedades Alcântara (A) e Helena (B), lançadas a partir de parceria entre a Epagri e a UFSC.



Fig. 2. Foto de Vergínia Goulardt, residente no Município de São Joaquim, com um de seus exemplares de goiabeira-serrana, selecionado e mantido por ela e sua família.



Foto: Jean Pierre Ducroquet

Domesticação da espécie

A domesticação é um processo de co-evolução pelo qual a seleção artificial, tanto consciente quanto inconsciente, sobre as populações de plantas promovidas, manejadas ou cultivadas, resulta em mudanças nos genótipos das populações, tornando-as mais úteis para o homem e mais adaptadas à intervenção do homem na paisagem. Assim, alguns agricultores têm iniciado o processo de promoção por estarem mantendo, em quintais, plantas que julgam produzir frutos de melhor sabor e em grande quantidade, comparativamente às demais plantas. A domesticação é considerada, portanto, um processo multidimensional, no qual ocorre interação progressiva do homem com os recursos vegetais (WIERSUM, 1997). Para que haja domesticação de plantas, é necessário que a seleção e o manejo permitam reprodução e sobrevivência diferenciadas nas populações (CLEMENT, 1999).

Os processos de domesticação de espécies arbóreas (frutíferas ou não) e de espécies de cereais são apenas parcialmente análogos, uma vez que diferenças essenciais ocorrem quanto ao grau de modificação no ambiente biofísico durante o processo. Tanto pode envolver um processo de manipulação, no qual o ecossistema natural é transformado em um ecossistema altamente artificial

criado e mantido pelo homem, quanto pode envolver um processo de transformação de ecossistema, no qual parte dos indivíduos silvestres é substituída por cultivares melhoradas ou por espécies de maior valor, e o ecossistema natural é apenas parcialmente modificado, como no caso das frutíferas (WIERSUM, 1997).

As primeiras frutíferas domesticadas foram tamareira, figueira, oliveira e videira (cerca de 4000 a.C.). A fácil propagação vegetativa teve importante papel ao tornar essas espécies as primeiras a serem domesticadas, já que nelas o homem não somente era capaz de propagar fenótipos idênticos aos dos pais (SPIEGEL-ROY, 1986), como também de dispor rapidamente de novos tipos, como a seleção de recombinantes ou a identificação e a seleção de mutantes pelos próprios agricultores.

Clement (1999) dividiu o processo de domesticação de espécies cultivadas em etapas, de acordo com o grau de diferenciação em relação aos ancestrais selvagens e de acordo com a intervenção do homem sofrida pela espécie. Essas etapas podem ser descritas como: a) selvagem; b) incidentalmente co-evoluída; c) incipientemente domesticada; d) semidomesticada; e) domesticada (Tabela 1).

Tabela 1. Características das populações em cada etapa do processo de domesticação.

Etapa de domesticação	Característica
Selvagem	Populações sem a intervenção humana
Incidentalmente co-evoluída	Populações adaptadas a ambientes antropozados, sem sofrer ação de seleção humana (ex.: plantas invasoras)
Incipientemente domesticada	Populações modificadas pela seleção e pela intervenção humana, cuja média fenotípica, no entanto, é diferente da variação média encontrada nas populações selvagens
Semidomesticada	Populações significativamente modificadas pela seleção e pela intervenção humana, cuja média fenotípica é diferenciada da variação média encontrada nas populações selvagens Apresentam adaptabilidade ecológica para sobreviver sem intervenção humana
Domesticada	Populações significativamente modificadas pela seleção e pela intervenção humana, cuja média fenotípica é diferenciada da variação média encontrada nas populações selvagens Não sobrevivem sem intervenção humana

Fonte: Adaptado de Clement (1999).

Com base na classificação proposta por Clement (1999), a espécie *A. sellowiana* pode ser classificada como incipientemente domesticada, todavia o atual estado de domesticação da goiabeira-serrana é diferente para diferentes populações. As populações com ocorrência natural no Brasil estão em estado silvestre e, portanto, não são domesticadas. Contudo, as plantas mantidas nos quintais, situação comum no Sul do Brasil, já se encontram promovidas e, portanto, sob domesticação. É importante ressaltar que a espécie já era utilizada pelos grupos indígenas de forma extrativista. Nesse sentido, para avançar na compreensão dos efeitos da domesticação nessa espécie, a caracterização genética e morfológica está sendo ampliada para populações manejadas pelas comunidades locais, visando identificar possíveis diferenciações alélicas decorrentes do processo de seleção e manejo feitas pelos próprios agricultores.

Avanços significativos foram obtidos nos últimos anos com a aplicação de técnicas de cultura de tecidos vegetais, aplicadas ao melhoramento e à conservação dessa espécie junto ao Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal do Centro de Ciências Agrárias/UFSC. Protocolos de micropropagação baseados na organogênese (OLTRAMARI et al., 2000) e na embriogênese, tanto a partir de embriões zigóticos (DAL VESCO; GUERRA, 2001) quanto de tecidos somáticos (STEFANELLO et al., 2005), foram desenvolvidos visando à captura e fixação de ganhos genéticos em propagação clonal e à conservação de genótipos de interesse.

Além disso, as novas progênies recombinantes e os clones selecionados nos programas de melhoramento já representam um segundo passo, além da promoção na direção da domesticação das populações brasileiras. Contudo, os tipos cultivados em outros países são resultantes de um trabalho de melhoramento genético, que envolve, às vezes, hibridização e, sobretudo, seleção.

Essas seleções que incluem clones pertencem a um estágio mais avançado de domesticação, quando comparadas às populações de goiabeira-serrana encontradas naturalmente no Brasil. Além disso, é difícil inferir com precisão qual é o grau de domesticação de populações nativas do Brasil ou, ainda, quais são aquelas que, mantidas pelos agricultores, decorrem de ações antrópicas. Sabe-se, entretanto, que os materiais encontrados em quintais ou mantidos nas propriedades agrícolas têm sofrido incipiente processo de seleção. Porém, são necessários estudos adicionais que confirmem a influência humana na dispersão e na domesticação da espécie.

Conclusões, perspectivas e desafios

Os trabalhos que vêm sendo desenvolvidos visando à domesticação de populações da espécie apresentam avanços significativos no conhecimento da variabilidade genética em populações naturais e nos acessos do BAG. Os resultados obtidos demonstraram haver uma grande variabilidade genética, dispersa na área de ocorrência natural da espécie.

Em razão das potencialidades da espécie, é imperativa a continuidade do processo de domesticação, bem como o desenvolvimento de variedades que possam ser competitivas na produção comercial de frutos. Trata-se de uma alternativa na produção para a Região Sul do País, em particular para os agricultores familiares, alguns já envolvidos no processo de domesticação da espécie. Assim, considerando este último aspecto, as pesquisas feitas de forma participativa com pequenos agricultores podem despertar o interesse pelo cultivo comercial, estimular a implementação de um programa de melhoramento genético participativo, bem como promover estratégias de conservação *on farm*. Tais tipos de pesquisa podem identificar as percepções e os interesses dos agricultores com relação à espécie, bem como os critérios de seleção e de manejo adotados por eles. Cabe destacar que o manejo

adaptativo necessita levar em consideração o uso sustentável e a conservação dos recursos genéticos na propriedade, preservando, assim, o processo coevolutivo da goiabeira-serrana e a diversidade cultural da espécie humana.

Reflexo disso é o fato de que combinações alélicas oriundas de cruzamentos dirigidos, de genótipos encontrados nas diversas expedições de coletas e, em especial, de seleções promovidas por agricultores estão sob avaliação e apresentam grande potencial para o desenvolvimento de variedades comerciais.

Nesse contexto, o estabelecimento de pomares comerciais adaptados à estrutura de agricultura familiar, além da manutenção das plantas silvestres nas áreas de ocorrência natural dessa espécie, resultará no fortalecimento do processo de conservação *on farm* da goiabeira-serrana. Esse aspecto é particularmente relevante, considerando a contínua e preocupante fragmentação do ecossistema natural no qual essa espécie se insere. Além disso, são relevantes também os recentes esforços do Ministério Público visando ao cumprimento do Código Florestal Brasileiro e à preservação das matas de pinheiro que constituem parte importante desse ecossistema.

Referências

- ANDRADE, E. R.; DUCROQUET, J. P. H. J. Antracnose em goiabeira-serrana. **Horti Sul**, Pelotas, v. 3, n. 2, p. 21-25, 1994.
- ANDRADE, E. R.; DUCROQUET, J. P. Antracnose em goiabeira serrana. In: CONGRESSO NACIONAL DE HORTICULTURA, 4., 1992, Montevideu. **Anais...** Montevideu: Sociedade Uruguaya de Horticultura: Conferencia Latinoamericana de Horticultura, 1992. p. 31.
- BARNI, E. J.; DUCROQUET, J. P.; SILVA, M. C.; BEPPLER NETO, R.; PRESSER, R. F. **Potencial de mercado para goiabeira-serrana catarinense**. Florianópolis: Epagri, 2004. 48 p. (Epagri. Documentos, 212).
- BASILE, A.; VUOTTO, M. L.; SORBO, S.; MARTONE, G.; CASTALDO, C. R. Antibacterial activity in *Actinidia chinensis*, *Feijoa sellowiana* and *Aberia caffra*. **Internacional Journal of Antimicrobial Agents**, Birmingham, v. 8, n. 3, p. 199-203, 1997.
- BONTEMPO, P.; MITA, L.; MICELI, M.; DOTO, A.; NEBBIOSO, A.; BELLIS, F.; CONTE, M.; MINICHIELLO, A.; MANZOA, F.; CARAFA, V.; BASILE, A.; RIGANO, S.; SORBO, S.; COBIANCHI, R. C.; SCHIAVONE, E. M.; FERRARA, F.; SIMONE, M.; VIETRI, M. T.; CIOFFI, M.; SICA, V.; BRESCIANI, F.; LERA, A. R.; ALTUCCI, L.; MOLINARI, A. L. *Feijoa sellowiana* derived natural Flavone exerts anti-cancer action displaying HDAC inhibitory activities. **The Internacional Journal of Biochemistry & Cell Biology**, Amsterdam, v. 39, n. 10, p. 1.902-1.914, 2007.

- CACIOPPO, O. **La feijoa**. Madrid: Mundi Prensa, 1988. 85 p.
- CLEMENT, C. R. 1492 and the loss of amazonian crop genetic resources. I. The relation between domestication and human population decline. **Economic Botany**, New York, v. 53, n. 2, p. 188-202, 1999.
- CRONQUIST, A. **An integrate system of classification of flowering plants**. New York: Columbia University Press, 1981. 519 p.
- DAL VESCO, L. L.; GUERRA, M. P. The effectiveness of nitrogen sources in *Feijoa sellowiana* somatic embryogenesis. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, Dordrecht, v. 64, n. 1, p. 19-25, 2001.
- DAWES, S. N.; PRINGLE, G. J. Subtropical fruits from south and central America, In : WRATT, G. S.; SMITH, H. C. (Org.). **Plant breeding in New Zealand**. Wellington: Butterworths, 1983. p. 123-138.
- DEGENHARDT, J. **Varição fenotípica de características de plantas e de frutos de goiabeira-serrana (*Acca sellowiana*)**. 2001. 71 f. Dissertação (Mestrado em Recursos genéticos Vegetais) – Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis.
- DETTORI, M. T.; PALOMBI, M. A. Identification of *Feijoa sellowiana* Berg accessions by RAPD markers. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 86, p. 279-290, 2000.
- DUCROQUET, J. P. H. J.; BONIN, V. Banco ativo de germoplasma da goiabeira serrana (*Acca sellowiana*). In: WORKSHOP PARA CURADORES DE BANCOS DE GERMOPLASMA DE ESPÉCIES FRUTÍFERAS, 1., 1997, Brasília. **Anais...** Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1999. p.143-145.
- DUCROQUET, J. P. H. J.; HICKEL, E. R. Birds as pollinators of feijoa (*Acca sellowiana* Berg). **Acta Horticulturae**, Leuven, v. 452. p. 37-40, 1996.
- DUCROQUET, J. P. H. J.; HICKEL, E. R.; NODARI, R. O. **Goiabeira-serrana (*Feijoa sellowiana*)**. Jaboticabal: FUNEP. 2000. 66 p. (Funep. Frutas Nativas).
- DUCROQUET, J. P. H. J.; RIBEIRO, P. A. Goiabeira-serrana: velha conhecida, nova alternativa. **Agropecuária Catarinense**, Florianópolis, v. 4, n. 3, p. 27-29, 1991.
- DUCROQUET, J. P. H. J. A vez da goiabeira-serrana. **A Lavoura**, Rio de Janeiro, v. 96, n. 600, p. 27-29, 1993.
- FRANÇA, S. Fruteiras nativas: preservação e lucro. **Manchete Rural**, Rio de Janeiro, v. 4, p. 30-32, 1991.
- HEWETT, E. W. New horticultural crops in New Zealand. In: JANICK, J.; SIMON, J. E. (Ed.). **New Crops**. New York: Wiley, 1993. p. 57-64.
- IELPO, M. T. L.; BASILE, A.; MIRANDA, R.; MOSCATIELLO, V.; NAPPO, C.; SORBO, S.; LAGHI, E.; RICCIARDI, M. M.; RICCIARDI, L.; VUOTTO, M. L. Immunopharmacological properties of flavonoids. **Fitoterapia: the Journal for the Study of Medicinal Plants**, Milan, v. 71, p. 101-109, 2000.
- LEGRAND, C. D.; KLEIN, R. M. Mirtáceas. In: REITZ, P. R. **Flora ilustrada Catarinense**. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues, 1977. p. 623-629.
- MATTOS, J. R. **Goiabeira-serrana: fruteiras nativas do Brasil**. 2. ed. Porto Alegre: CEUE, 1990, 120 p.
- MATTOS, J. R. **A goiabeira-serrana**. Porto Alegre: Instituto de Pesquisas de Recursos Naturais Renováveis, 1986. 84 p.
- MATTOS, J. R. **Myrtaceae do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: CEUE, 1969. 721 p.
- MORTON, J. Feijoa. In: MORTON, J. **Fruits of warm climates**. Miami: Florida Flair Books, 1987. p. 367-370.

- NODARI, R. O.; DUCROQUET, J. P.; GUERRA, M. P.; MELER, K. Genetic variability of *Feijoa sellowiana* germplasm. **Acta Horticulturae**, Leuven, v. 452, p. 41-46, 1997.
- OLTRAMARI, A. C.; DAL VESCO, L. L.; PEDROTTI, E. L.; DUCROQUET, J. P.; NODARI, R. O.; GUERRA, M. P. Protocolo de micropropagação da goiabeira-serrana. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 30, n. 1, p. 61-68, 2000.
- REITZ, R.; KLEIN, R. M.; REIS, A. **Projeto Madeira de Santa Catarina**. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues. 1978. 320 p.
- REITZ, R., KLEIN, R. M.; REIS, A. **Projeto Madeira do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: Companhia Riograndense de Artes Gráficas, 1988. p. 293-296.
- SANTOS, K. L.; FINARDI, C.; DEZANET, A.; UBERTI, A. A.; PANDOLFO, C.; DUCROQUET, J. P. H. J.; NODARI, R. O. Caracterização genética de populações naturais e dos acessos do banco ativo de germoplasma de goiabeira-serrana (*Acca sellowiana*). In: SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFSC, 12.; JORNADA DE JOVENS PESQUISADORES DA AUGM, 10., 2002, Florianópolis. **Livro de Resumos...** Florianópolis: UFSC, 2002. p. 461.
- SANTOS, K. L. Bases genéticas de características de importância agrônômica em goiabeira-serrana (*Acca sellowiana*). 2005. 121 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis.
- SANTOS, K. L.; WELTER, L. J.; DANTAS, A. C. M.; GUERRA, M. P.; DUCROQUET, J. P. H. J.; NODARI, R. O. Transference of microsatellite markers from *Eucalyptus* spp to *Acca sellowiana* and the successful use of this technique in genetic characterization. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 30, p. 73-79, 2007.
- SEIDEMANN, J. Zur kenntnis der Feijoafrucht (*Acca sellowiana* [O. Berg] Burret). **Deutsche Lebensmittel-Rundschau**, Stuttgart, v. 90, n. 4, p. 112-114, 1994.
- SHARPE, R. H.; SHERMAN, W. B.; MILLER, E. P. Feijoa history and improvement. **Proceedings of Florida State Horticultural Society**, Tampa, v. 106, p. 134-139, 1993.
- SPIEGEL-ROY, P. Domestication of fruit trees. In: BARIGOZZI, C. (Ed.). **The origin and domestication of cultivated plants**. Amsterdam: Elsevier, 1986. p. 201-211.
- STEFANELLO, S.; DAL VESCO, L. L.; DUCROQUET, J. P. H. J.; NODARI, R. O.; GUERRA, M. P. Somatic embryogenesis from floral tissues of feijoa (*Feijoa sellowiana* Berg). **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 105, n. 1, p. 117-126, 2005.
- THORP, G., BIELESKI, R. **Feijoas: origins, cultivation and uses**. HortResearch. Auckland: David Bateman, 2002. 87 p.
- THORP, G. DSIR,s feijoa programme goes to South America. **The Orchardist of New Zealand**, Wellington, v. 61, n. 7. p. 213-215, 1988.
- VUOTTO, M. L.; BASILE, A.; MOSCATELLO, V.; DE SOLE, P.; CASTALDO-COBIANCHI, R.; LAGHI, E.; IELPO, M. T. L. Antimicrobial and antioxidant activities of *Feijoa sellowiana* fruit. **International Journal of Antimicrobial Agents**, Birmingham, v. 13, p. 197-201, 2000.
- WELTER, L. J.; BELÓ, A.; DUCROQUET, J. P.; GUERRA, M. P.; NODARI, R. O. Genetic characterization of the goiabeira serrana (*Feijoa sellowiana* Berg) germoplasm. **Revista Brasileira de Genética**, v. 22, n. 3, p. 301, 1999. Suplemento. Apresentado no 45. Congresso Brasileiro de Genética, Gramado, 1999.
- WIERSUM, K. F. From natural forest to tree crops, co-domestication of forests and tree species, an overview. **Netherlands Journal of Agricultural Science**, Wageningen, v. 45, p. 425-438, 1997.



eucena

Do México para o mundo, a globalização
das árvores de mil e uma utilidades

Foto: Rosa Lía Barbieri





Maria Teresa Schifino-Wittmann

As Multipurpose Tree Species (MPTS), árvores de múltiplos propósitos, são aquelas que não se restringem a um fim específico, mas podem ser exploradas e manejadas para diversas finalidades, como as espécies do gênero *Leucaena* Benth. Essas árvores fixadoras de nitrogênio e de crescimento rápido, além de forragem para os animais, são utilizadas para enriquecimento do solo, produção de madeira para lenha, combustível, papel, fibra têxtil, assoalhos, postes, móveis e estacas. Também servem como quebra-vento, cerca viva, plantas ornamentais e para fornecer sombra. As sementes e as vagens podem ser empregadas em fabricação de corantes, na alimentação humana e em artesanato (BREWBAKER, 1987; SHELTON; JONES, 1995; HUGHES, 1993, 1998a).

O gênero, exclusivamente americano, pertence à família Leguminosae, subfamília Mimosoideae, tribo Mimosae, e compreende 22 espécies, além de subespécies, variedades e dois híbridos reconhecidos taxonomicamente (HUGHES,

1998a; HUGHES, 1998b). Algumas espécies já eram utilizadas pelos povos indígenas pré-colombianos e há indícios de uso contínuo pelos últimos 7 mil anos na zona de origem (HUGHES, 1998b).

Apesar de o centro de origem ser o México, pelo menos duas espécies, *L. leucocephala* e *L. diversifolia*, são amplamente cultivadas nas regiões tropicais do mundo, desempenhando um importante papel socioeconômico, especialmente nos países em desenvolvimento. A amplitude ecológica de muitas espécies permite que sejam selecionados genótipos adaptados a diferentes condições de solo e clima.

O gênero, por sua grande variabilidade, facilidade de hibridação interespecífica, variação no número cromossômico, evidências de evolução reticulada e influência antrópica na evolução de ao menos uma espécie (*L. leucocephala*), constitui um fascinante assunto para estudos taxonômicos e evolutivos.

Importância econômica

A nomenclatura popular reflete a importância de *Leucaena* em muitas comunidades. Em espanhol, as espécies são conhecidas como *guaje* (*guaje rojo* para *L. esculenta*, *guaje colorado* para *L. pallida*, *guaje verde* para *L. leucocephala*, por exemplo), termo derivado do equivalente *uaxi* na língua Nahuatl, que significa vagem, do qual vem o nome da província mexicana de Oaxaca. Outras denominações são: *nduva*, que também significa vagem em Mixteca; *huaxin* na América Central (cultura maia); *ipil-ipil* nas Filipinas; *lamtoro* na Indonésia; *katin* na Tailândia; *yin no huan* na China; *kubabul* ou *subabul* na Índia; *koa-h aole* no Havaí; *tangantangan* em algumas ilhas do Pacífico; *cassis* em Vanuatu; *Leucaena* na Austrália e nos Estados Unidos (CASAS; CABALLERO, 1996; SHELTON; BREWBAKER, 1998; HUGHES, 1998a); e *leucena* no Brasil. No México, por sua vez, país onde há cerca de 120 línguas indígenas,

há nome para espécies de *Leucaena* em quase a metade das 54 línguas indígenas ainda usadas (HUGHES, 1998a).

No seu hábitat nativo, quase todas as espécies são manejadas em sistemas de produção ou exploradas de populações silvestres. No México, cinco táxons são cultivados: *L. lanceolata*, *L. confertiflora*, *L. esculenta*, *L. pallida* e *L. leucocephala* (CASAS; CABALLERO, 1996).

Todas as espécies possuem folhas palatáveis e podem ocorrer tanto em ambientes perturbados como nos seus habitats nativos (HUGHES, 1993). As sementes são ricas em proteínas, possuem alta concentração do aminoácido essencial tiamina (ZÁRATE, 1994) e são consumidas frescas, assadas, cozidas ou depois de secas ao sol, em molhos ou pastas. Sementes de várias espécies são empregadas com fins culinários, mas *L. esculenta*, *L. pallida* e *L. leucocephala* são as comercializadas em larga escala em mercados e feiras regionais no sul do México e norte da Guatemala (HUGHES, 1998a). No México, *L. esculenta* é a mais utilizada e cultivada para consumo das vagens e adubo verde (ZÁRATE, 1994; CASAS; CABALLERO, 1996). O súber da casca de algumas espécies, misturado com mel, é usado para fins medicinais como cicatrizante (ZÁRATE, 1994). Na América Central e em partes do México, *L. collinsii*, *L. salvadorensis* e *L. shannonii*, principalmente, são utilizadas na produção de madeira para construção, de carvão e de lenha (HUGHES, 1993).

Fora de sua zona de origem, leucena é freqüentemente sinônimo de *L. leucocephala*, disseminada por meio dos conquistadores espanhóis inicialmente para as Filipinas e, em seguida, para os outros países da região tropical (BREWBAKER et al., 1985). É uma das leguminosas de uso múltiplo mais utilizadas nos sistemas agroflorestais, em virtude da alta qualidade da forragem (sua utilização primordial), rápido crescimento e rebrote (BREWBAKER; SORENSON, 1994). A variabilidade morfológica em *L. leucocephala*, primeiramente notada em avaliações agronômicas, levou a uma classificação em três grandes

tipos. O tipo Comum (anteriormente referido como havaiano) é arbustivo, de crescimento lento, muito ramificado, produz muitas sementes e é frequentemente invasor. Essa foi a forma inicialmente disseminada pelos conquistadores espanhóis e naturalizada pantropicalmente. O tipo Salvadorenho ou Gigante tem hábito arbóreo, chega a uma altura de até 20 m, é muito vigoroso e possui boa produção de forragem e madeira. O tipo Peru, caracterizado pelo hábito ereto, como o Gigante, e pelas muitas ramificações, como o tipo Comum, é particularmente conhecido por sua alta produção de forragem, alto conteúdo de proteínas, digestibilidade e palatabilidade (HUGHES, 1993, 1998b).

O tipo Comum corresponde à subespécie *leucocephala* e os outros dois, à subespécie *glabrata*, que é a cultivada em toda a região tropical. Entretanto, as mesmas qualidades de crescimento rápido e estabelecimento da espécie têm contribuído para que ela se torne uma invasora em muitas áreas (HUGHES, 1998a). A cultivar Cunningham, desenvolvida na Organização de Pesquisa Científica e Industrial da Austrália (Csiro), na década de 1960, ainda é amplamente cultivada, apesar de alguns problemas como a má adaptação em zonas de solos ácidos. A cultivar Peru (Csiro) e outros materiais, como K 8 e K 636, desenvolvidos na Universidade do Havaí, também são largamente utilizados. Mais recentemente, foi lançada a cultivar Tarramba (a partir da K 636), que possui bom desempenho e adaptação. Um dos problemas iniciais para o cultivo de *L. leucocephala* fora de sua área de origem foi a estreita variabilidade genética do material cultivado – apesar de haver grande variabilidade em populações naturais da espécie (HARRIS et al., 1994a) –, explicável pela história de sua introdução a partir da América. Em 1990, a estimativa era de que em torno de 2 a 5 milhões de hectares de *Leucaena*, principalmente *L. leucocephala*, eram plantados ao redor do mundo (BREWBAKER; SORENSON, 1990).

Outra espécie bastante cultivada fora de sua zona natural de ocorrência é *L. diversifolia*, táxon muito variável

morfologicamente, também de crescimento rápido, que suporta temperaturas mais baixas do que as suportadas por *L. leucocephala*. Híbridos entre essas espécies são facilmente produzíveis (HUGHES, 1993) e têm dado origem a muitos materiais adaptados a diversas condições.

Apesar do alto conteúdo de proteína e da palatabilidade de leucena, a presença da mimosina pode comprometer sua utilização como forrageira. A mimosina é um aminoácido não protéico, que, durante a mastigação ou no rúmen, é transformada em dihidroxipiridina (DHP), composto tóxico que pode alterar várias funções metabólicas dos animais e causar hipertiroidismo e alopecia, quando a forragem de leucena corresponde a mais de 30 % da dieta animal. Atualmente, com a utilização da bactéria *Synergiste jonensii*, que degrada o DHP no rúmen (JONES, 1985), esse problema é facilmente contornável, no caso de ruminantes.

A partir de 1980, muitas plantações de leucena foram seriamente atacadas, e até mesmo devastadas, pelo ataque de um inseto sugador, o psílideo *Heteropsylla cubana* (BRAY, 1995). Esse inseto é nativo do Caribe, do México e das Américas Central e do Sul e, nessas regiões, seus ataques não chegam a causar danos de monta, provavelmente pela presença de predadores naturais (LASCANO et al., 1995). Nos locais de cultivo fora da área de origem, porém, tornou-se uma praga, principalmente pela estreita base genética inicial do material cultivado. É possível que a rápida disseminação do psílideo esteja relacionada ao transporte por aviões e a correntes de ar (GEIGER et al., 1995).

Apesar de algumas limitações, a ampla adaptação ecológica e a variabilidade genética das espécies de *Leucaena*, em sua área natural de distribuição, indicam que podem ser cultivadas com sucesso em diferentes regiões (SHELTON; JONES, 1995). Atualmente, algumas espécies e híbridos, mais predominantemente *L. leucocephala*, são cultivados com diferentes propósitos em praticamente todo o cinturão tropical. Por exemplo, nas regiões tropicais da Austrália,

leucena é usada em sistemas extensivos de pastejo, como importante fonte de alimentação de alta qualidade para o gado, produzindo excepcionais ganhos de peso (BRAY, 1995). No Brasil, principalmente *L. leucocephala* e híbridos selecionados com *L. diversifolia* estão sendo usados ou testados quanto a seu potencial como forrageiras, plantas ornamentais, bem como no controle de erosão do solo e uso em sistemas agroflorestais em geral.

Taxonomia e distribuição geográfica

O gênero *Leucaena* é nativo do Novo Mundo e distribui-se do sul do Texas ao Peru, abrangendo cerca de 40 graus de latitude e uma ampla variedade de habitats: do semi-árido ao úmido; das regiões montanhosas do Texas – com três meses de neve no inverno – às florestas tropicais; do nível do mar até 2.500 m de altitude (BREWBAKER; SORENSSON, 1990), locais com diferentes taxas de precipitação, duração e intensidade da estação seca, e diferentes tipos de solo. A maior diversidade de espécies é encontrada no México e no norte da América Central (HUGHES, 1998a). O hábito das espécies varia de tipos florestais colunares altos (até 20 m de altura) a pequenas árvores e arbustos (BREWBAKER; SORENSSON, 1994).

Entre as diversas características que podem distinguir as espécies de *Leucaena*, está a morfologia das folhas, que são bipinadas alternas e estipuladas. Há uma grande variação quantitativa no tamanho da folha, número de folíolos e foliólulos. Em relação ao tamanho do folíolo, é possível reconhecer dois grandes grupos: o de folíolos grandes (*L. macrophylla*, *L. lanceolata*, *L. magnifica*, *L. multicapitula*, *L. retusa* e *L. shannonii*) e o de folíolos pequenos (*L. leucocephala* e as demais). Mas essa diferenciação informal não é apoiada pelos estudos sistemáticos recentes. Três cores básicas de flores (referentes à coloração dos filamentos e das anteras e, ocasionalmente, dos estigmas) ocorrem no gênero: branco-amarelada, que é a mais comum, rosada

(*L. diversifolia*, *L. trichandra* e *L. pallida*) e amarelo-brilhante (*L. greggii* e *L. retusa*). Ocorrem também nectários extraflorais. Outra característica do gênero é a nictinastia, movimento de contração das folhas em resposta à luminosidade (HUGHES, 1998b).

A maior parte das espécies estudadas apresentam auto-incompatibilidade do tipo gametofítico. A espécie *L. leucocephala*, no entanto, é autocompatível (BREWBAKER, 1983, 1987).

A taxonomia do gênero foi objeto de muita controvérsia, principalmente, em virtude das diferentes abordagens quanto à delimitação das espécies, resultando em um número variado de táxons reconhecidos e muitas sinonímias (BREWBAKER, 1987; HUGHES, 1993; ZÁRATE, 1994). Poliploidia e possível hibridação interespecífica freqüente tornam a taxonomia de *Leucaena* mais complexa (HUGHES, 1998a). O gênero foi estabelecido pela primeira vez por Bentham, que reconheceu quatro espécies, em 1842, e nove, em 1875. Standley, em 1922, reconheceu 15 espécies. Britton e Rose, em 1928, ao descreverem a flora da América do Norte e das regiões tropicais das Américas, atribuíram em torno de 39 espécies ou subespécies. Brewbaker e colaboradores realizaram as primeiras tentativas de reduzir o número de táxons, com base em seus trabalhos experimentais de melhoramento e hibridação, chegando a 16 espécies (HUGHES, 1998b). Zárate (1994), estudando o gênero no México, incluiu novos táxons.

Recentemente, Hughes (1998a, 1998b), num extenso trabalho baseado em análise cladística de dados morfológicos (por meio da análise de mais de 2.700 exemplares de herbário e de campo) e reavaliação de um conjunto de dados de DNA de cloroplasto (cpDNA) (HARRIS et al., 1994b), reconheceu 22 espécies, 2 subespécies, 2 variedades e 2 táxons híbridos nomeados (Tabela 1). A delimitação das espécies baseou-se no conceito filogenético de espécie, em que características e estados de características são definidos com base em variação quantitativa, e combinações únicas destas definem as espécies. Para diferenciar subespécies e variedades, o autor utilizou a variação quantitativa das folhas e vagens. Essa classificação é a mais aceita e utilizada atualmente. Os

híbridos reconhecidos são *L. x spontanea*, um táxon híbrido natural entre *L. leucocephala* e *L. diversifolia*, que ocorre nos habitats nativos ou zonas de cultivo, provavelmente como resultado de simpatria artificial por causa da domesticação indígena e exótica mais recente das espécies parentais (HUGHES; HARRIS, 1998), e *L. x mixtec*, um híbrido estéril natural entre *L. leucocephala* e *L. esculenta* (HUGHES; HARRIS, 1994).

Tabela 1. Espécies, táxons infra-específicos reconhecidos e dois híbridos nomeados do gênero *Leucaena*, de acordo com a classificação de Hughes (1998b).

Espécie		2n
<i>L. collinsii</i> Britton & Rose	Subsp. <i>collinsii</i> e subsp. <i>zacapana</i> C. E. Hughes	52, 56
<i>L. confertiflora</i> S. Zárate	Subsp. <i>confertiflora</i> e subsp. <i>adenotheloidea</i> (S. Zárate) C. E. Hughes	104, 112
<i>L. cuspidata</i> Standley		52
<i>L. diversifolia</i> (Schltdl.) Benth.		104
<i>L. esculenta</i> (Sessé & Moc. ex DC.) Benth.		52, 56 ⁽¹⁾ , 112 ⁽¹⁾
<i>L. greggii</i> S. Watson		56
<i>L. involucrata</i> S. Zárate		112
<i>L. lanceolata</i> S. Watson	Var. <i>lanceolata</i> e var. <i>sousae</i> (S. Zárate) C. E. Hughes	52
<i>L. lempirana</i> C. E. Hughes		52, 56
<i>L. leucocephala</i> Lam. (de Wit)	Subsp. <i>leucocephala</i> , subsp. <i>glabrata</i> (Rose) S. Zárate e Subsp. <i>ixtahuacana</i> C. E. Hughes	104
<i>L. macrophylla</i> Benth	Subsp. <i>macrophylla</i> e subsp. <i>istmensis</i> C. E. Hughes	52, 56
<i>L. magnifica</i> (C. E. Hughes) C. E. Hughes		52
<i>L. matudae</i> (S. Zárate) C. E. Hughes		52 ⁽¹⁾ , 56
<i>L. multicapitula</i> Schery		52
<i>L. pallida</i> Britton & Rose		104, 112, 110 ⁽¹⁾
<i>L. pueblana</i> Britton & Rose		52
<i>L. pulverulenta</i> (Schltdl.) Benth.		56
<i>L. retusa</i> Benth.		56
<i>L. salvadorensis</i> Standley ex Britton & Rose		56
<i>L. shannonii</i> J. D. Smith		52, 56
<i>L. trichandra</i> (Zucc.) Urban		52, 56 ⁽¹⁾
<i>L. trichodes</i> (Jacq.) Benth.		52
<i>L. x spontanea</i> (<i>L. leucocephala</i> x <i>L. diversifolia</i>) C. E. Hughes & S. A. Harris		104
<i>L. x mixtec</i> (<i>L. leucocephala</i> x <i>L. esculenta</i>) C. E. Hughes & S. A. Harris		

⁽¹⁾ Contagens cromossômicas imprecisas.

Fonte: Elaboração da autora a partir de dados obtidos em Hughes (1998b), Schifino-Wittmann et al. (2000) e Cardoso et al. (2000)

Citogenética

Estudos cromossômicos são difíceis em *Leucaena*, principalmente pelo tamanho pequeno (ca. 1 μm) e pelo alto número de cromossomos (52–112). Além disso, a confusão taxonômica e uma possível má identificação de plantas podem ter contribuído para algumas contagens não confiáveis (HUGHES, 1998b).

Existem trabalhos na literatura com citogenética de espécies de *Leucaena*, tanto relacionados com taxonomia e evolução quanto com utilização da citogenética no melhoramento. Entretanto, até recentemente, os números cromossômicos eram conhecidos para apenas um pouco mais de metade das espécies do gênero. Schifino-Wittmann et al. (2000) e Cardoso et al. (2000) determinaram o número cromossômico para todas as espécies do gênero, identificaram uma quinta espécie tetraplóide (*L. involucrata*) e descobriram uma até então insuspeitada variabilidade intra-específica no número cromossômico, até mesmo no número básico (Tabela 1).

Existem dois números cromossômicos básicos no gênero ($x=26$ e $x=28$) e dois níveis de ploidia ($2n=2x=52$, $2n=4x=104$, $2n=2x=56$, $2n=4x=112$) (Tabela 1). As chamadas espécies diplóides ($2n=52$ ou 56) são: *L. collinsii* Britton & Rose, *L. cuspidata* Standley, *L. esculenta* (Sessé e Moc. ex DC.) Benth., *L. greggii* S. Watson, *L. lanceolata* S. Watson, *L. lempirana* C. E. Hughes, *L. macrophylla* Benth., *L. magnifica* (C. E. Hughes) C. E. Hughes, *L. matudae*, (S. Zárte) C. E. Hughes, *L. multicapitula* Schery, *L. pueblana* Britton & Rose, *L. pulverulenta* (Schltdl.) Benth., *L. retusa* Benth., *L. salvadorensis* Standley ex Britton & Rose, *L. shannonii* J. D. Smith, *L. trichandra* (Zucc.) Urban e *L. trichodes* (Jacq.) Benth. As tetraplóides ($2n=104$ ou 112) são: *L. confertiflora* S. Zárte, *L. diversifolia* (Schltdl.) Benth., *L. involucrata* S. Zárte, *L. leucocephala* (Lam.) De Wit e *L. pallida* Britton & Rose (GONZALEZ et al., 1967; HUTTON, 1983; PAN, 1985; PAN; BREWBAKER, 1988; FREITAS et al., 1988, 1991; SORENSON; BREWBAKER, 1994; PALOMINO et al., 1995; SCHIFINO-WITTMANN et al., 2000; CARDOSO et al., 2000).

O híbrido *L. x spontanea* é tetraplóide ($2n=104$), e o *L. x mixtec*, triplóide (HUGHES, 1998a, 1998b).

Os níveis chamados diplóide e tetraplóide foram determinados pelos resultados de estudos de herança (PAN, 1985; SORENSSON, 1989). Entretanto, ao comparar-se os números básicos de $x=26$ e $x=28$ com os números básicos sugeridos para algumas Mimosoideae, $x=13$ e 14 (GOLDBLATT, 1981), a hipótese mais provável é a de que as espécies de *Leucaena* sejam, na verdade, paleopoliplóides, o que já havia sido aventado por Pan e Brewbaker (1988). Dessa forma, as espécies chamadas diplóides ($2n=2x$) seriam na verdade tetraplóides ($2n=4x$), e as consideradas tetraplóides ($2n=4x$) seriam octaplóides ($2n=8x$). As evidências citológicas que apóiam essas conclusões, até recentemente, não existiam. Análises anteriores de comportamento meiótico mostravam pareamento cromossômico regular nas espécies e em híbridos de mesmo nível de ploidia (GONZALEZ et al., 1967; PAN, 1985; PAN; BREWBAKER, 1988; FREITAS et al., 1991). Eventualmente alguns multivalentes haviam sido observados em híbridos (FREITAS et al., 1991) e em *L. diversifolia* (PAN, 1985; PAN; BREWBAKER, 1988). Boff e Schifino-Wittmann (2002, 2003) observaram formação freqüente de associações cromossômicas múltiplas não só em espécies poliplóides, como também em diplóides de *Leucaena*, reforçando a idéia de que esses táxons já seriam de origem poliplóide. Portanto, as espécies de *Leucaena* podem ser consideradas paleopoliplóides que passaram por um processo de diploidização, o qual não estaria completo em algumas espécies. Para fins de simplificação, no presente texto, são empregados os termos diplóide e tetraplóide para as espécies com $2n=52$ e 56 e $2n=104$ e 112 , respectivamente.

Os dados da literatura (HUGHES, 1998a) têm proposto origem alopólipoide para os poliplóides em *Leucaena*. Os dados de comportamento meiótico (PAN, 1985; BOFF; SCHIFINO-WITTMANN, 2002, 2003) sugerem uma

origem alopoliplóide segmentar. A identificação de um poliplóide natural em uma população de *L. trichandra* e a ocorrência de até 12 % de gametas não reduzidos nessa espécie (SCHIFINO-WITTMANN et al., 2000) sugerem que a autopoliploidia pode ocorrer em *Leucaena*. Os dados de cpDNA e de Internal Transcribed Spacer (ITS), de Hughes et al. (2002), indicam uma origem alopoliplóide para quatro das espécies poliplóides, mas não excluem a possibilidade de autopoliploidia em *L. diversifolia*, como será discutido mais detalhadamente no próximo tópico.

A variabilidade nos números básicos encontrados em algumas das espécies diplóides e poliplóides (Tabela 1) sugere que as diferenças interespecíficas de número cromossômico poderiam ter surgido por uma provável disploidia nas espécies diplóides e, conseqüentemente, nas tetraplóides, e que no mínimo duas espécies poliplóides – *L. confertiflora* e *L. pallida* – teriam provavelmente origens múltiplas. Esses dados também apóiam o padrão evolutivo complexo do gênero, como sugerido por Hughes e Harris (1995) e Harris et al. (1996).

O único trabalho publicado, até o momento, com Fluorescent in situ Hybridization (FISH), é o de Hartman et al. (2000), que detectaram sinais para os genes ribossomais 5 S, 8 S, 18 S e 25 S em *L. leucocephala*.

As determinações de conteúdo de DNA nuclear, realizada nas 22 espécies, mostraram uma variação de 0,61 a 1,81 pg/2C, nas espécies diplóides, e de 1,58 a 3,31 pg/2C, nas tetraplóides (PALOMINO et al., 1995; HARTMAN et al., 2000).

A citogenética também pode auxiliar em trabalhos de melhoramento de *Leucaena*, como os realizados com híbridos entre *L. leucocephala* e *L. diversifolia*, *L. trichandra*, *L. esculenta* e *L. pulverulenta*, dentro de um programa de seleção de plantas para adaptação aos solos ácidos do Cerrado brasileiro (FREITAS et al., 1988, 1991). A variabilidade citogenética detectada nas progênes mostrou a importância de um levantamento citogenético prévio para a seleção de genitores em cruzamentos controlados.

Origem e evolução

Em comparação com a maioria das plantas cultivadas, *Leucaena* é conhecida no mundo científico há relativamente pouco tempo (BRAY, 1995); portanto, a quantidade de informações disponíveis sobre sua evolução é menor.

Entre os gêneros próximos a *Leucaena* estão *Desmanthus*, *Dichrostachys*, *Kanaloa* e *Schleintizia*. Hughes (1998b) relatou sugestões anteriores no intuito de definir as relações entre eles. Hughes et al. (2003), utilizando dados de 5,8 S rDNA e ITS1 e ITS2, confirmaram o realinhamento do grupo informal *Leucaena* (incluindo *Leucaena*, *Desmanthus*, *Schleintizia* e *Kanaloa*), colocando-o como irmão do grupo *Dichrostachys*, que incluiria *Dichrostachys*, *Gagnebina*, *Alatsilodendron* e *Calliandropsis*. O grupo *Leucaena* seria monofilético e incluiria dois grandes clados: *Leucaena* (gênero monofilético) e outro com os demais gêneros do grupo.

A evolução do gênero é complexa, com indícios de evolução reticulada. Não há barreiras genéticas à hibridação (SORENSSON; BREWBAKER, 1994) e já foram descritos híbridos espontâneos (HUGHES; HARRIS, 1994, 1998), assim como evidências de introgressão de cpDNA (HARRIS et al., 1994b). Foi sugerido que *L. leucocephala* poderia ter surgido por hibridação espontânea como resultado de domesticação indígena (HUGHES; HARRIS, 1995; HARRIS et al., 1996; HUGHES, 1998b).

Pan (1985) havia sugerido que *L. trichandra* (sinônimo de *L. diversifolia* diplóide) seria tanto o táxon mais antigo do gênero quanto o central na evolução do mesmo, bem como teria dado origem a *L. diversifolia* por autopoliploidia. *L. pallida* seria um híbrido anfiplóide derivado de *L. esculenta* e *L. trichandra*; por sua vez, *L. leucocephala* seria um alopóliploide derivado de *L. trichandra* e, talvez, de *L. shannonii*.

Harris (1995), ao analisar Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD), verificou o agrupamento de *L. diversifolia* e *L. trichandra* (sinônimo de *L. diversifolia* ssp. *stenocarpa*), o

que não foi confirmado com Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP). O autor justificou essa discrepância pelo fato de os marcadores RAPD não serem adequados para estudos de sistemática, descartando a hipótese de Pan (1985), no que foi posteriormente apoiado pelos resultados de Hughes et al. (2002).

Hughes et al. (2002), utilizando 5, 8 S rDNA e ITS 1 e 2, verificaram, para as espécies diplóides, a presença de três cladogramas no gênero, claramente correlacionados com a geografia: a) clado 3 (*L. cuspidata*, *L. greggii*, *L. pulverulenta* e *L. retusa*) – nordeste do México e Texas; b) clado 2 (*L. esculenta*, *L. matudae* e *L. pueblana*) – zona interior do México sul e central e norte do istmo de Tehuantepec; c) clado 1, o grupo maior (*L. collinsii*, *L. lanceolata*, *L. lempirana*, *L. macrophylla*, *L. magnifica*, *L. multicapitula*, *L. salvadorensis*, *L. shannonii*, *L. trichandra* e *L. trichodes*), que ocorre nas florestas tropicais sazonalmente secas, na zona da costa do Pacífico e sul do México e nas Américas Central e do Sul. A grande diversidade morfológica das espécies do clado 1 contrasta com a pouca variação molecular para cpDNA e ITS.

A provável origem dos poliplóides pode ser sugerida considerando-se, principalmente, as conclusões do trabalho de Hughes et al. (2002), com base em análise conjunta dos dados de cpDNA, RFLP, nrDNA e ITS e, também, em outros dados da literatura:

a) Os dados moleculares sugerem uma origem alopoliplóide para quatro das espécies poliplóides (*L. leucocephala*, *L. confertiflora*, *L. involucrata* e *L. pallida*), mas não excluem a possibilidade de autopoliploidia em *L. diversifolia*.

b) *L. leucocephala* seria um híbrido entre uma espécie de folíolos pequenos, provavelmente *L. pulverulenta* (como progenitor materno), e uma de folíolos grandes, como *L. lanceolata* (HUGHES et al., 2002). Hartman et al. (2000) sugeriram que, com base na aditividade das quantidades de DNA nuclear, *L. leucocephala* seria originária de

L. pulverulenta e *L. lanceolata*. Como evidência adicional, os autores relataram um par cromossômico maior, submetacêntrico, que estaria presente em *L. leucocephala* e *L. lanceolata*. Entretanto, observações de Schifino-Wittmann e colaboradores (dados não publicados) não descartam a possibilidade de que outras espécies diplóides também apresentem um par cromossômico similar.

c) No caso de *L. confertiflora*, parece haver envolvimento entre *L. cuspidata* e, como progenitor materno, uma espécie diplóide do clado 1 (HUGHES et al., 2002).

d) Os resultados moleculares (HUGHES et al., 2002) sugerem que os progenitores maternos de *L. involucrata* e *L. pallida* seriam espécies do clado 2; no caso de *L. pallida*, seria provavelmente *L. pueblana*.

e) A identificação de dois números cromossômicos ($2n=104$ e $2n=112$) em *L. confertiflora* e *L. pallida* (SCHIFINO-WITTMANN et al., 2000; CARDOSO et al., 2000) apóia a possibilidade de origens múltiplas dessas espécies, o que também foi sugerido, no caso de *L. pallida*, por Hughes et al. (2002).

f) Quanto a *L. diversifolia*, a diversidade de ITS foi muito baixa, ao contrário das outras espécies poliplóides. Os dados poderiam apoiar a origem autopoliplóide de *L. diversifolia*, a partir de *L. pulverulenta*, o que concorda com a distribuição geográfica dos dois táxons e algumas semelhanças morfológicas entre eles (HUGHES et al., 2002). Entretanto, os autores não descartaram a possibilidade de que a variabilidade para ITS exista, mas não tenha sido detectada.

Portanto, a origem e a evolução dos poliplóides em *Leucaena*, assim como o tipo de poliploidia, ainda são assuntos controversos. Fica claro, pelos dados existentes, que o padrão de evolução é bastante complexo. Além disso, sabe-se que deve ter havido origens múltiplas para algumas espécies poliplóides e que, talvez, (HUGHES et al., 2002) os processos indígenas de domesticação e cultivo tenham atuado na origem e diversificação dos poliplóides.

Com a aplicação das técnicas de Genomic in situ Hybridization (GISH), é bem possível que algumas dessas questões controversas sejam, ao menos parcialmente, esclarecidas.

História antiga e domesticação

Dados etnobotânicos e arqueológicos apontam para o uso contínuo de espécies de *Leucaena* na alimentação de populações indígenas da América Central e de partes da América do Sul, durante os últimos 7 mil anos (HUGHES, 1998b). Sua utilização, possivelmente como alimento humano e adubo verde, está associada à maioria das civilizações indígenas, entre Honduras e sul do México. Restos de sementes e vagens de *Leucaena* foram localizados em cavernas de sítios pré-históricos no México, alguns datando de 6800–5000 a.C. Há registros arqueológicos de sementes em ruínas maias e mixtecas. O aumento da frequência de achados para datas entre 900–200 a.C. sugere que o cultivo de *Leucaena* na região do México Central teria iniciado naquela época (HUGHES, 1998a).

No México, a suplementação da dieta com sementes e vagens verdes de *Leucaena*, especialmente *L. esculenta* e *L. leucocephala*, vem de longa data. A escassez de registros arqueológicos em algumas épocas poderia sugerir uma utilização secundária, que aumentou de importância posteriormente, como observado hoje em dia (HUGHES, 1998a). É possível que, nos períodos de entressafra do milho, base da alimentação das culturas pré-colombianas, espécies de *Leucaena* tenham sido utilizadas como restauradoras do solo (BREWBAKER; SORENSON, 1990).

Além do processo de domesticação, a influência da ação humana na evolução de algumas espécies não pode ser ignorada (HUGHES; HARRIS, 1994). Zárate et al. (2005) relataram uma série de trabalhos que apóiam a ocorrência de uma extensiva seleção histórica em *L. esculenta*.

A interferência humana no processo de domesticação, incluindo o transporte de espécies para outras regiões, possibilita o contato entre espécies diferentes e o surgimento de híbridos, tanto na zona natural de distribuição das espécies como em regiões de cultivo (ZÁRATE, 1994; HUGHES; HARRIS, 1994).

A disseminação de *Leucaena* para outras partes do mundo se iniciou no século 16, ou início do século 17, por intermédio dos conquistadores espanhóis, primeiramente para as Filipinas. A partir daí, espalhou-se rapidamente, tanto de forma natural quanto pela intervenção humana, para a maior parte dos trópicos da Ásia e do Pacífico (BRAY, 1995). Foi introduzida na Austrália no fim do século 19 e, em 1920, já estava naturalizada em partes do norte desse país (SHELTON; BREWBAKER, 1998).

História recente e melhoramento

A partir dos anos de 1950, leucena tem sido objeto de uma intensa pesquisa em muitos países, principalmente no Havaí e na Austrália (BRAY, 1995). Grandes coleções de germoplasma foram estabelecidas, possibilitando a seleção de tipos altamente produtivos.

Inicialmente, os trabalhos no Havaí se concentraram no desenvolvimento de *L. leucocephala* para produção de madeira, e vários tipos vigorosos gigantes foram identificados, como K 8 e K 28, não tendo, porém, o desempenho esperado quando testados em outros locais, como nas Filipinas. Na Austrália, o trabalho concentrou-se na produção de variedades adaptadas ao pastejo, com seleção de tipos ramificados e com muitas folhas. Várias cultivares, incluindo Peru e Cunningham, foram liberadas e ainda são utilizadas ao redor do mundo (BRAY, 1995).

Durante os anos de 1970 e início dos anos de 1980, *L. leucocephala* era conhecida como a “árvore milagrosa”, em virtude de seu sucesso mundial como árvore forrageira de

longa duração e altamente nutritiva, além de outros usos. Entretanto, um melhor conhecimento de suas limitações e, principalmente, a disseminação do psilídeo trouxeram uma visão atual mais equilibrada dessa espécie (SHELTON; BREWBAKER, 1998). *L. leucocephala* é uma das árvores multipropósito mais produtivas e versáteis disponíveis para a agricultura tropical, além de ser uma das mais importantes em sistemas extensivos de pastejo e como forragem de corte para pequenos produtores. Continua a dar uma contribuição fundamental como combustível em muitos países em desenvolvimento e é usada para melhorar a fertilidade do solo e estabilizar áreas degradadas (SHELTON, 2000). A cultivar Cunningham, de *L. leucocephala*, foi e ainda é amplamente cultivada por sua grande produção e qualidade de forragem, mas sua falta de tolerância a solos ácidos e a baixas temperaturas, além de sua grande suscetibilidade ao psilídeo, restringem seu uso. Recentemente a cultivar Tarramba, derivada da K 636, passou a ser a mais utilizada. Uma comparação feita na Austrália, entre 16 acessos das 22 espécies do gênero, mostrou a melhor produtividade de forragem de híbridos entre *L. leucocephala* e *L. diversifolia* e, entre os acessos de *L. leucocephala*, a superioridade da cultivar Tarramba (MULLEN; GUTTERIDGE, 2002).

Antes da identificação e do isolamento de *Synergiste jonensii*, bem como de sua administração aos animais que estivessem em locais onde a toxidez de mimosina representasse um problema, a redução do conteúdo de mimosina foi objetivo do melhoramento. Atualmente, a presença de mimosina não é mais considerada um obstáculo para a utilização de leucena como forrageira em ruminantes, apesar de continuar sendo danosa para animais não-ruminantes, em particular, aves e peixes (BRAY, 1995). Se essa bactéria existe naturalmente em alguns ruminantes, em algumas áreas, isso ainda é assunto de discussão (SHELTON, 2000).

A propagação de *Leucaena* é normalmente por sementes e, em geral, a produção é abundante, mas, em alguns híbridos,

pode ser problemática. Técnicas de propagação vegetativa estão sendo empregadas, algumas com sucesso (SHELTON, 2000).

Quanto à especificidade de nodulação com *Rhizobium*, há espécies associadas a uma ampla gama de isolados e outras mais específicas (MULLEN et al., 1998a).

O reconhecimento de uma variabilidade bastante grande entre espécies e até mesmo genótipos, quanto à adaptação a vários ambientes e fatores bióticos e abióticos, expandiu as possibilidades de utilização de *Leucaena*.

Já há algumas décadas, pesquisas no Havaí e na Austrália têm analisado outras espécies de *Leucaena* como fonte de novos genes, na tentativa de incorporar características desejáveis, de espécies afins, em *L. leucocephala*, por meio de hibridação interespecífica (BREWBAKER; SORENSSON, 1990). Alguns híbridos entre *L. leucocephala* e *L. diversifolia*, por exemplo, aliam vigor com tolerância ao frio e moderada resistência ao psilídeo, mostram combinações desejáveis de características e grande potencial de utilização (HUGHES, 1993). Híbridos, principalmente entre *L. leucocephala* e *L. diversifolia*, e *L. pallida* e *L. leucocephala*, vêm sendo desenvolvidos visando ao uso comercial, tentando aliar um aumento de produção com tolerância ao psilídeo, a solos ácidos e ao frio (AUSTIN et al., 1998).

Em relação ao psilídeo, além de estudos do inseto em si, para entender sua biologia e comportamento das populações, são feitas tentativas de controle biológico, quantificação dos danos e identificação de espécies e genótipos resistentes de *Leucaena* (SHELTON, 2000; MULLEN; SHELTON, 2003; MULLEN et al., 1998b, 2003a). Há uma suscetibilidade diferencial ao psilídeo entre espécies e variedades e mesmo dentro das espécies. *L. esculenta* é uma das espécies mais resistentes, e *L. leucocephala* a mais suscetível (MULLEN et al., 1998c). A suscetibilidade também pode variar entre espécies em diferentes locais (MULLEN et al., 2003a).

Tentativas de selecionar linhas tolerantes a solos ácidos são feitas há bastante tempo (HUTTON, 1981, 1983; BLAMEY;

HUTTON, 1995), já que *L. leucocephala* é muito suscetível a esses tipos de solos. Híbridos, especialmente com *L. diversifolia*, se desenvolvem muito bem em condições de solos ácidos, como no Cerrado brasileiro, por exemplo (HUTTON; SOUZA, 1987), e na Malásia (BLAMEY; HUTTON, 1995).

Aliar tolerância ao frio e boa produtividade parece ser um problema de difícil solução. Algumas espécies e linhas podem mostrar alguma tolerância, mas não real resistência a frio e geadas (SHELTON, 2000). No Havaí, por exemplo, híbridos entre *L. leucocephala*, *L. diversifolia* e *L. pallida* desenvolveram-se melhor em regiões elevadas com temperaturas baixas do que as espécies (AUSTIN et al., 1998), assim como na Austrália (GUTTERIDGE; SORENSSON, 1992). Em locais do Texas, com invernos frios e neve, Felker et al. (1999) observaram a sobrevivência da coroa em algumas plantas. No Rio Grande do Sul, uma série de experimentos com 21 espécies de *Leucaena* e vários híbridos entre *L. leucocephala* e *L. diversifolia* identificaram, principalmente entre os híbridos, vários materiais com alta produção de forragem e rápido rebrote após o inverno, mas todos perdiam suas folhas durante os meses mais frios (SIMIONI et al., 1999; SARMENTO; SCHIFINO-WITTMANN, 2001; SARMENTO et al., 2001; KAMINSKI et al., 2005).

Shelton (2000) sintetizou vários trabalhos que demonstram a existência, por exemplo, de espécies e linhas com adaptação ambiental mais ampla (*L. pallida* e alguns de seus híbridos com *L. leucocephala*, por exemplo), outras com adaptação específica a ambientes mais frios e com tolerância ao psilídeo (*L. diversifolia* e *L. trichandra*) e outras bem adaptadas a ambiente quentes, mas suscetíveis ao psilídeo (*L. leucocephala* K 636 e cv. Cunningham). Essa variabilidade se estende, obviamente, à produção, bem como a fatores como digestibilidade, palatabilidade e composição química, entre outros. A avaliação agrônômica em múltiplos ambientes, por meio de testes em diversos locais experimentais em vários países, considerando diversos fatores, como adaptação ampla, produção e desafios ambientais em geral, vem contribuindo cada vez

mais para ampliar as possibilidades de utilização das espécies de *Leucaena* (MULLEN; GUTTERIDGE, 2002; MULLEN et al., 2003a, 2003b, 2003c).

Muitos grupos ao redor do mundo vêm trabalhando com o gênero em múltiplas abordagens. Grandes coleções de germoplasma de *Leucaena* encontram-se no Csrio (Brisbane, Austrália), na Universidade do Haváí (Estados Unidos) e no Oxford Forestry Institute (OFI) – atual Department of Plant Sciences (Universidade de Oxford, Reino Unido). Além dessas, outras são encontradas no Centro Internacional de Agricultura Tropical (Ciat), na Colômbia e no International Livestock Research Institute (ILRI), na Etiópia (HUGHES, 1993; LEUCNET, 1994; BRAY et al., 1997).

Em 1994, realizou-se um workshop internacional sobre oportunidades e limitações em *Leucaena*, no qual pesquisadores de todo o mundo debateram diversos aspectos de *Leucaena*, tais como limitações, sistemática, diversidade genética e melhoramento, pesquisas estratégicas, potencial para desenvolvimento e prioridades para a pesquisa em vários países da África, Ásia, Américas e Oceania (SHELTON et al., 1995). Durante o workshop, foi criada a Leucnet, rede mundial de pesquisadores em *Leucaena*, com objetivo de integrar os trabalhos e de trocar informações.

Em 1997, foi publicado o Catálogo Mundial de *Leucaena* (BRAY et al., 1997), reunindo informações sobre o germoplasma disponível nas maiores coleções mundiais de germoplasma do gênero.

Em 1998, foi realizado um segundo workshop internacional, direcionado, naquela ocasião, à adaptação, à qualidade e a sistemas de cultivo (SHELTON et al., 1998).

Perspectivas

A tendência do melhoramento de *Leucaena* parece clara. As pesquisas recentes estão investindo na análise da maior amplitude possível de germoplasma, incluindo espécies

e genótipos dentro de espécies, além de híbridos interespecíficos, tentando buscar material genético que garanta, além de boa produção de forragem ou madeira, uma adaptação ambiental ampla, resistência ao psíldeo e melhoria de fatores antiqualitativos, como taninos.

Difícilmente outra espécie irá superar *L. leucocephala* como uma excelente produtora de forragem de boa qualidade. Entretanto, por causa de suas limitações, certamente a solução para o uso continuado será por meio do desenvolvimento e do aperfeiçoamento dos híbridos mais “tradicionais” (com *L. diversifolia* e *L. pallida*) ou pela transferência de algumas características desejáveis (como resistência ao psíldeo) de outras espécies do gênero.

Do ponto de vista de estudos evolutivos, parece que nem mesmo os trabalhos moleculares serão decisivos na solução de algumas questões da história evolutiva do gênero. É bastante provável que as técnicas de citogenética molecular (FISH e GISH) sejam o que falta para resolver tais questões. Para algumas espécies poliplóides, já houve a identificação dos mais prováveis ancestrais. Vários eventos evolutivos no gênero parecem ser bastante recentes quando comparados com outras culturas mais tradicionais, o que pode indicar que os genomas parentais ainda estariam suficientemente diferenciados. Nesse caso, a utilização de GISH certamente auxiliaria no esclarecimento da origem dos poliplóides.

Referências

- AUSTIN, M. D.; SUN, W.; BREWBAKER, J.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T. Potential for economic utilization of *Leucaena* hybrids. In: SHELTON, H. M.; GUTTERIDGE, R. C.; MULLEN, B. F.; BRAY, R. A. (Ed.). **Leucaena: adaptation, quality and farming systems**. Canberra: ACIAR, 1998. p. 82-85.
- BLAMEY, F. P. C.; HUTTON, E. M. Tolerance of *Leucaena* to acid soil conditions. In: SHELTON, H. M.; PIGGIN, C. M., BREWBAKER, J. L. (Ed.). **Leucaena: opportunities and limitations**. Canberra: ACIAR, 1995. p. 83-86.
- BOFF, T.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T. Paleopolyploidy and segmental allopolyploidy in species of *Leucaena* Benth: evidence from meiotic behaviour analysis. **Hereditas**, Lund, v. 138, p. 27-35. 2003.

- BOFF, T.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T. Pollen fertility and meiotic behaviour in accessions and species of *Leucaena*. **Tropical Grasslands**, Peak Crossing, v. 36, p. 54-58, 2002.
- BRAY, R. A.; HUGHES, C. E.; BREWBAKER, J. L.; HANSON, J.; THOMAS, B. D.; ORTIZ, A. **The world *Leucaena* catalogue**. Brisbane: University of Queensland, 1997. 48 p.
- BRAY, R. A. *Leucaena*. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. (Ed.). **Evolution of crop plants**. Burnt Mill: Harlow, 1995. p. 274-277.
- BREWBAKER, J. L.; HEDGE, N.; HUTTON, E. M.; JONES, R. J.; LOWRY, J. B.; MOOG, F.; VAN DEN BELDT, R. *Leucaena*: forage production and use. Honolulu: NFTA, 1985. 39 p.
- BREWBAKER, J. L.; SORENSSON, C. Domestication of lesser-known species of *Leucaena*. In: LEAKEY, R.; NEWTON, A. (Ed.) **Tropical trees**: the potential for domestication. Edinburgh: Institute of Terrestrial Ecology, 1994. p. 195-204.
- BREWBAKER, J. L.; SORENSSON, C. New tree crops for interspecific *Leucaena* hybrids. In: JANICK, J.; SIMON, J. E. (Ed.). **Advances in new tree crops**. Portland: Timber, 1990. p. 283-289.
- BREWBAKER, J. L. Species in the genus *Leucaena*. **Leucaena Research Reports**, Taiwan, v. 7, p. 6-20, 1987.
- BREWBAKER, J. L. Systematics, self-incompatibility, breeding systems, and genetic improvement of *Leucaena* species. In: *LEUCAENA RESEARCH IN THE ASIAN PACIFIC REGION*, 1982, Singapore. **Proceedings...** Singapore: NFTA, 1983. p. 17-22.
- CARDOSO, M. B.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T.; BODANESE-ZANETTINNI, M. H. Taxonomic and evolutionary implications of intraspecific variability in chromosome numbers of species of *Leucaena* Benth (Leguminosae). **Botanical Journal of the Linnean Society**, London, v. 134, p. 549-556, 2000.
- CASAS, A.; CABALLERO, J. Traditional management and morphological variation in *Leucaena esculenta* (Fabaceae: Mimosoideae) in the Mixtec region of Guerrero, Mexico. **Economic Botany**, New York, v. 50, p. 167-181, 1996.
- FELKER, P.; SORENSSON, C. T.; UECKERT, D.; JACOBY, P.; SINGER, E.; OHM, R. Growth, cold-hardiness, protein content, and digestibility of 70 *Leucaena* seedlots on three sites in Texas, USA. **Agroforestry Systems**, Dordrecht, v. 42, p. 159-179, 1999.
- FREITAS, L. H. C.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T.; HUTTON, E. M. Cytogenetic analysis of species and hybrids of *Leucaena* (Leguminosae) in relation to acid soil tolerance. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 11, p. 97-109, 1988.
- FREITAS, L. H. C.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T.; PAIM, N. R. Floral characteristics, chromosome numbers and meiotic behavior of hybrids between *Leucaena leucocephala* (2n=104) and tetraploid *L. diversifolia* (2n=104) (Leguminosae). **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 14, p. 781-789, 1991.
- GEIGER, C. A.; NAPOMPETH, B.; VAN DEN BELDT, R. An update on the status of *Leucaena* psyllid in southeast Asia. In: SHELTON, H. M.; PIGGIN, C. M.; BREWBAKER, J. L. (Ed.). **Leucaena**: opportunities and limitations. Canberra: ACIAR, 1995. p. 125-128.
- GOLDBLATT, P. Cytology and the phylogeny of the Leguminosae. In: POLHILL, R. M.; RAVEN, P. M. (Ed.). **Advances in legume systematics**. Kew: Kew Botanic Gardens, 1981. p. 427-463.
- GONZALEZ, V.; BREWBAKER, J. L.; HAMIL, D. E. *Leucaena* cytogenetics in relation to the breeding of low mimosine lines. **Crop Science**, Madison, v. 7, p. 140-143, 1967.
- GUTTERIDGE, R. C.; SORENSSON, C. T. Frost tolerance of a *Leucaena diversifolia* x *L. leucocephala* hybrid in Queensland, Australia. **Leucaena Research Reports**, Taiwan, v. 13, p. 3-5, 1992.

- HARRIS, S. A.; CHAMBERLAIN, J. R.; HUGHES C. E. New insights into the evolution of *Leucaena* Benth. In: PICKERSGIL, B.; LOCK, J. M. (Ed.). **Advances in legume systematics**: legumes of economic importance. Kew: Royal Botanic Gardens, 1996. p. 117-126.
- HARRIS, S. A.; HUGHES, C. E.; ABBOTT, R. J.; INGRAM, R. Genetic variation in *Leucaena leucocephala* (Lam.) de Wit. (Leguminosae: Mimosoideae). **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 43, p. 159-167, 1994a.
- HARRIS, S. A.; HUGHES, C. E.; INGRAM, R.; ABBOTT, R. J. A phylogenetic analysis of *Leucaena* (Leguminosae: Mimosoideae). **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 191, p. 1-26, 1994b.
- HARRIS, S. A. Systematics and randomly amplified polymorphic DNA in the genus *Leucaena* (Leguminosae, Mimosoideae). **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 197, p. 195-208, 1995.
- HARTMAN, T. P. V.; JONES, J.; BLACKHALL, N. W.; POWER, J. B.; COCKING, E. C.; DAVEY, M. R. Cytogenetics, molecular cytogenetics and genome size in *Leucaena* (Leguminosae, Mimosoideae). In: GUTTENBERGER, H.; BORZAN, Z.; SCHLARBAUM, S. E.; HARTMAN, T. P. V. (Ed). **Cytogenetic studies of forest trees and shrubs**: review, present status and outlook on the future. Zvolen: Arbora, 2000. p. 57-70.
- HUGHES, C. E.; BAILEY, C. D.; HARRIS, S. A. Divergent and reticulate species relationships in *Leucaena* (Fabaceae) inferred from multiple data sources: insights into polyploid origins and nrDNA polymorphism. **American Journal of Botany**, St. Louis, v. 89, p. 1.057-1.073, 2002.
- HUGHES, C. E.; BAILEY, C. D.; KROSNICK, S.; LUCKOW, M. A. Relationships among genera of the informal *Dichrostachys* and *Leucaena* Groups (Mimosoideae) inferred from nuclear ribosomal ITS sequences. In: KLITGAARD, B. B.; BRUNEAU, A. (Ed.). **Advances in legume systematics**: higher level systematics. Kew: Royal Botanic Gardens, 2003, p. 221-238.
- HUGHES, C. E.; HARRIS, S. A. The characterization and identification of a naturally occurring hybrid in the genus *Leucaena* (Leguminosae: Mimosoideae). **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 192, p. 177-197, 1994.
- HUGHES, C. E.; HARRIS, S. A. A second spontaneous hybrid in the genus *Leucaena* (Leguminosae, Mimosoideae). **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 212, p. 53-77, 1998.
- HUGHES, C. E.; HARRIS, S. A. Systematics of *Leucaena*: recent findings and implications for breeding and conservation. In: SHELTON, H. M.; PIGGIN, C. M.; BREWBAKER, J. L. (Ed.). **Leucaena**: opportunities and limitations. Canberra: ACIAR, 1995. p. 54-65.
- HUGHES, C. E. *Leucaena*: a genetic resources handbook. Oxford: Oxford Forestry Institute, 1998a. 274 p.
- HUGHES, C. E. *Leucaena genetic resources*: the OFI seed collections and a synopsis of species characteristics. Oxford: Oxford Forestry Institute, 1993. 117 p.
- HUGHES, C. E. **Monograph of *Leucaena* (Leguminosae-Mimosoideae)**. Ann Harbor: The American Society of Plant Taxonomists, 1998b. 244 p.
- HUTTON, E. M. Natural crossing and acid tolerance in some *Leucaena* species. **Leucaena Research Reports**, Taiwan, v. 2, p. 2-4, 1981.
- HUTTON, E. M. Selection and breeding of *Leucaena* for very acid soils. In: *LEUCAENA RESEARCH IN THE ASIAN PACIFIC REGION*, 1982, Singapore. **Proceedings...** Singapore: NFTA, 1983. p. 23-26.
- HUTTON, E. M.; SOUZA, F. B. de. Field reaction of Cunninghamham leucaena to calcium treatment at planting in an acid oxisol. **Leucaena Research Reports**, Taiwan, v. 8, p. 21-24, 1987.
- JONES, R. J. *Leucaena* toxicity and the ruminal degradation. In: AUSTRALIA-USA POISONOUS PLANTS SYMPOSIUM, 1984, Brisbane. **Proceedings...** Yeerongpilly: The Queensland Poisonous Plants Committee, 1985. p. 111-119.

KAMINSKI, P. E.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T.; PAIM, N. R. Growth and survival of a range of *Leucaena* species in Southern Brazil. **Tropical Grasslands**, Peak Crossing, v. 39, p. 1-8, 2005.

LASCANO, C. E.; MAASS, B. L.; ARGEL, P. J.; VIQUEZ, E. *Leucaena* in Central and South America. In: SHELTON, H. M.; PIGGIN, C. M.; BREWBAKER, J. L. (Ed.). *Leucaena*: opportunities and limitations. Canberra: ACIAR, 1995. p. 152- 158.

LEUCNET. **An international network for *Leucaena* research and development**. Brisbane: University of Queensland, 1994. 24 p.

MULLEN, B. F.; FRANK, V. E.; DATE, R. A. Specificity of rhizobial strains for effective N₂ fixation in the genus *Leucaena*. **Tropical Grasslands**, Peak Crossing, v. 32, p. 110-117, 1998a.

MULLEN, B. F.; GABUNADA, F.; SHELTON, H. M.; STÜR, W. W. Agronomic evaluation of *Leucaena*. Part 2. Productivity of the genus for forage production in subtropical Australia and humid-tropical Philippines. **Agroforestry Systems**, Dordrecht, v. 58, p. 93-107, 2003c.

MULLEN, B. F.; GABUNADA, F.; SHELTON, H. M.; STÜR, W. W.; NAPOMPETH, B. Psyllid resistance in *Leucaena*. In: SHELTON, H. M.; GUTTERIDGE, R. C.; MULLEN, B. F.; BRAY, R. A. (Ed.). *Leucaena*: adaptation, quality and farming systems. Canberra: ACIAR, 1998c. p. 51-60.

MULLEN, B. F.; GABUNADA, F.; SHELTON, H. M.; STÜR, W. W. Psyllid resistance in *Leucaena*. Part 1. Genetic resistance in subtropical Australia and humid-tropical Philippines. **Agroforestry Systems**, Dordrecht, v. 58, p. 149-671, 2003a.

MULLEN, B. F.; GUTTERIDGE, R. C. Wood and biomass production of *Leucaena* in subtropical Australia. **Agroforestry Systems**, Dordrecht, v. 55, p. 195-205, 2002.

MULLEN, B. F.; SHELTON, H. M.; BASFORD, K. E.; CASTILLO, A. C.; VICTORIO, E. E.; ACASIO, R. N.; TARABU, J.; KOMOLONG, M. K.; GALGAL, K. K.; KHOA, L. V.; CO, H. X.; WANDERA, F. P.; IBRAHIM, T. M.; CLEM, R. L.; JONES, R. J.; MIDDLETON, C. H.; BOLAM, M. J. M.; GABUNADA, F.; STÜR, W. W.; HORNE, P. M.; UTACHAK, K.; KHANH, T. T. Agronomic adaptation to environmental challenges in the genus *Leucaena*. In: SHELTON, H. M.; GUTTERIDGE, R. C.; MULLEN, B. F.; BRAY, R. A. (Ed.). *Leucaena*: adaptation, quality and farming systems. Canberra: ACIAR, 1998b, p. 39-50.

MULLEN, B. F.; SHELTON, H. M.; GUTTERIDGE, R. C.; BASFORD, K. E. Agronomic evaluation of *Leucaena*. Part 1. Adaptation to environmental challenges in multi-environment trials. **Agroforestry Systems**, Dordrecht, v. 58, p. 77-92, 2003b.

MULLEN, B. F.; SHELTON, H. M. Psyllid resistance in *Leucaena*. Part 2. Quantification of production losses from psyllid damage. **Agroforestry Systems**, Dordrecht, v. 58, p. 163-171, 2003.

PALOMINO, G.; ROMO, V.; ZÁRATE S. Chromosome numbers and DNA content in some taxa of *Leucaena* (Fabaceae Mimosoideae). **Cytologia**, Tokyo, v. 60, p. 31-37, 1995.

PAN, F. J.; BREWBAKER, J. L. Cytological studies in the genus *Leucaena* Benth. **Cytologia**, Tokyo, v. 53, p. 393-399, 1988.

PAN, F. J. **Systematics and genetics of the *Leucaena diversifolia* complex**. 1985. 242 p. Thesis (Ph.D in Agronomy and Soil Science) - University of Hawaii, Manoa.

SARMENTO, M. B.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T. Vigor de rebrote e tolerância ao frio de 20 genótipos híbridos entre *Leucaena leucocephala* e *L. diversifolia*. **Revista Científica Rural**, Bagé, v. 6, p. 46-59, 2001.

SARMENTO, M. T.; MOTTA, J. L. G.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T. Avaliação do rendimento de matéria seca e qualidade de forragem de híbridos entre *Leucaena leucocephala* e *L. diversifolia*. **Revista Científica Rural**, Bagé, v. 6, p. 27-37, 2001.

- SCHIFINO-WITTMANN, M. T.; CARDOSO, M. B.; BOFF, T.; SIMIONI, C. Chromosome numbers and unreduced gametes in species of *Leucaena* Benth. (Leguminosae): new contributions for the taxonomy, evolutionary studies and breeding of the genus. In: GUTTENBERGER, H.; BORZAN, Z.; SCHLARBAUM, S. E.; HARTMAN, T. P. V. (Ed). **Cytogenetic studies of forest trees and shrubs: review, present status and outlook on the future**. Zvolen: Arbora, 2000. p. 181-190.
- SHELTON, H. M.; BREWBAKER, J. L. *Leucaena leucocephala*: the most widely used forage tree legume. In: GUTTERIDGE, R. C.; SHELTON, H. M. (Ed.). **Forage tree legumes in tropical agriculture**. St. Lucia: Tropical Grassland Society of Australia, 1998. Disponível em: <www.fao.org/ag/agp/doc/Publicat/Gutt-shel/x5556e00.htm>. Acesso em: 5 abr. 2006.
- SHELTON, H. M.; GUTTERIDGE, R. C.; MULLEN, B. F.; BRAY, R. A. (Ed.). **Leucaena: adaptation, quality and farming systems**. Canberra: ACIAR, 1998. 358 p.
- SHELTON, H. M. ; JONES, R. J. Opportunities and limitations in *Leucaena*. In: SHELTON, H. M.; PIGGIN, C. M., BREWBAKER, J. L. (Ed). **Leucaena: opportunities and limitations**. Canberra: ACIAR, 1995. p. 75-79.
- SHELTON, H. M.; PIGGIN, C. M., BREWBAKER, J. L. (Ed.). **Leucaena: opportunities and limitations**. Canberra: ACIAR, 1995. 240 p.
- SHELTON, H. M. Potential and limitations of *Leucaena* spp. for silvopastoral systems. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE SISTEMAS AGROFORESTAIIS PECUÁRIOS NA AMÉRICA DO SUL, 1., 2000, Juiz de Fora. **Proceedings...** Juiz de Fora: EMBRAPA: FAO, 2000. 1 CD-ROM.
- SIMIONI, C.; PAIM, N. R; SCHIFINO-WITTMANN, M. T. Tolerância ao frio e caracterização de híbridos entre *Leucaena leucocephala* e *L. diversifolia*. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 29, p. 453-458, 1999.
- SORENSSON, C. T.; BREWBAKER, J. L. Interspecific compatibility among 15 *Leucaena* species (Leguminosae: Mimosoideae) via artificial hybridizations. **American Journal of Botany**, St. Louis, v. 81, p. 240-247, 1994.
- SORENSSON, C. Luteus (l), a recessive lethal seedling mutant of *Leucaena lanceolata*. **Leucaena Research Reports**, Taiwan, v. 10, p. 79, 1989.
- ZÁRATE, S.; PÉREZ-NASSER, N.; CASA, A. genetics of wild and managed populations of *Leucaena esculenta* subsp. *esculenta* (Fabaceae; Mimosoideae) in La Montaña of Guerrero, Mexico. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Wageningen, v. 52, p. 941-957, 2005.
- ZÁRATE, S. Revisión del genero *Leucaena* in Mexico. **Anales del Instituto de Biología, serie Botánica**, Mexico City, v. 65, p. 83-162, 1994.

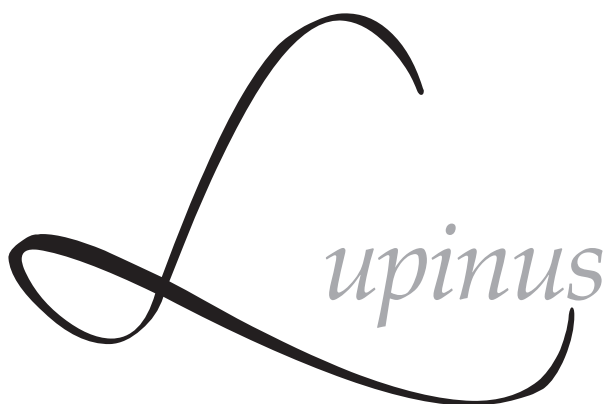


Lupinus

A fascinante (e ainda controversa) história evolutiva dos tremoços e seus parentes

Foto: José Eduardo Figueiredo Dornelles





Maria Teresa Schifino-Wittmann
Ionara Fátima Conterato

O gênero *Lupinus* L. pertence à família Leguminosae, subfamília Faboideae, tribo Genisteae (Adans.) Benth., subtribo Lupininae (Hutch.) Bisby (BISBY, 1981).

Algumas espécies são utilizadas na alimentação humana e animal há muito tempo. Por exemplo, a *L. albus* L., popularmente conhecida como tremçoço (citado até mesmo na Bíblia), tem sido cultivada desde a Antigüidade na região do Mediterrâneo e pode ser considerada uma cultura característica dessa região. Sua fervura remove os alcalóides e permite o seu consumo. Sementes bem preservadas foram identificadas em remanescentes da época da ocupação do Egito pelos romanos e até da Idade do Bronze (ZOHARY; HOPF, 2000). O papel dos lupinos como potentes restauradores da fertilidade do solo também é reconhecido há muito tempo. Além de para outros fins, muitas espécies são empregadas para fins ornamentais, em virtude da extrema beleza e atratividade de suas flores.

Do ponto de vista acadêmico, a ocorrência de dois grupos de espécies, no Velho Mundo e nas Américas, com algumas características bem distintas, aliada às questões de sua origem e diferenciação, faz do estudo desse gênero um fascinante tema para botânicos, geneticistas e evolucionistas.

Neste capítulo, será apresentada uma revisão da importância econômica, da taxonomia, da origem e evolução e de aspectos gerais do melhoramento de espécies de *Lupinus*. Também serão mencionadas as informações recentemente obtidas sobre citogenética e sistemática molecular.

Importância econômica

Diversas espécies de *Lupinus* evoluíram como culturas utilizadas pela humanidade, cultivadas, principalmente, por causa da alta concentração de proteína de suas sementes. Outras espécies anuais e perenes foram e são cultivadas por sua capacidade de fixação de nitrogênio, como forragem verde e seca para animais e como plantas ornamentais (HILL, 1995).

As mais conhecidas e importantes são: o lupino-branco ou tremoço-branco (*L. albus* L.), o lupino-azul ou tremoço-azul (*L. angustifolius* L.) e o lupino-amarelo ou tremoço-amarelo (*L. luteus* L.). Todas crescem vigorosamente e produzem sementes grandes e atrativas. O consumo das sementes é dificultado pela presença de alcalóides amargos, que podem ser removidos parcialmente por fervura e, mais efetivamente, pela seleção de linhas doces, ou seja, com baixos teores de alcalóides (HOVELAND; TOWNSEND, 1985; ZOHARY; HOPF, 2000), porém menos resistentes a doenças e a ataques de herbívoros (SÁNCHEZ et al., 2005).

Historicamente, sementes de legumes têm sido utilizadas na nutrição humana e animal, em virtude do alto conteúdo de proteína e de óleo (MAKRI et al., 2005). Sementes da espécie *L. albus*, cultivada na Turquia, mostraram possuir

alta quantidade de proteína (32,2 %), fibras (16,2 %), óleo (5,95 %) e açúcar (5,82 %) (ERBAS et al., 2005).

Análises químicas e nutricionais em variedades de *L. luteus*, *L. angustifolius* e *L. albus*, coletados na Polônia, mostraram que a concentração de proteína das sementes analisadas foi maior que em muitas leguminosas. *L. albus* apresentou conteúdo de proteína em torno de 465 g/kg, e *L. luteus* de, aproximadamente, 115 g/kg de óleo. Dados sobre a composição química e os aminoácidos das proteínas tornam os lupinos-brancos, seguidos pelo lupino-azul e pelo lupino-amarelo, adequado para a alimentação animal, bem como para produção de concentrados protéicos que facilitam o processamento de alimentos para uso na nutrição animal e humana (SUJAK et al., 2006).

As principais substâncias antinutricionais encontradas nas sementes de lupino são alcalóides quinolizidínicos, que deixam as sementes não palatáveis e, algumas vezes, tóxicas (MICHAEL, 2003). Esse grande grupo de alcalóides, presente nos lupinos em geral (WINK et al., 1995), é o único com clara função ecológica na defesa da planta, contra insetos e herbívoros. Em *L. albus*, *L. angustifolius* e *L. campestris* Cham. e Schltdl., algum grau de transformação de alcalóides em outros compostos mais biorreativos, como ésteres, ocorre durante a germinação. A síntese de alcalóides ocorre no estroma do cloroplasto das folhas e segue uma biossíntese altamente regulada, com posterior armazenagem nos vacúolos (SÁNCHEZ et al., 2005). Folhas e brotos são os principais locais de síntese, com posterior transferência para flores, legumes e sementes (ALLEN, 1998).

Apesar de esses alcalóides, como esparteína, lupanina e hidroxilupanina, tornarem as sementes impróprias para consumo, as linhas de lupinos-brancos doce, selecionadas para baixo conteúdo de alcalóide, apresentam digestibilidade *in vivo* similar à da alfafa, apesar de consumo inferior. Nos Estados Unidos, os lupinos eram uma cultura economicamente importante até a década de 1950, quando o barateia-

mento dos adubos nitrogenados levou ao declínio de seu cultivo. Cultivares doces de *L. angustifolius* são ainda comumente cultivadas como forragem nos Estados Unidos (HOVELAND; TOWNSEND, 1985).

A despeito do grande número de espécies americanas, *L. mutabilis* Sweet é a única domesticada e cultivada para grãos, sendo até mesmo usada na alimentação humana pelos povos pré-colombianos. Distribuiu-se da Colômbia ao norte da Argentina, mas seu cultivo é mais importante no Equador, no Peru e na Bolívia. Suas sementes são de alta qualidade, com 25 % a 50 % da matéria seca de proteína e 14 % a 24 % de óleo (HARDY et al., 1997). Como a utilização de suas sementes na alimentação também requer um intenso processo para remoção dos alcalóides, têm sido buscados mutantes, assim como têm sido desenvolvidas linhas doces por melhoramento genético (GLADSTONES, 1998). Também é cultivada como ornamental em outros locais, por serem suas flores atrativas e perfumadas.

L. arboreus Sims, nativa da Califórnia, também conhecida como lupino arbóreo, tornou-se naturalizada no Chile e na Nova Zelândia, onde é utilizada para estabilização de dunas costeiras (HOVELAND; TOWNSEND, 1985).

A *bluebonnet* (*L. texensis* Hook. e outras espécies do gênero) é considerada a flor oficial do Estado do Texas e tem sido adotada como tal pela legislação de 1901. Floresce na primavera e adorna as beiras de estradas e os campos com suas flores de tons azul-intenso e branco.

O lupino híbrido Russel foi desenvolvido por um horticulturalista inglês, George Russel, e liberado em 1937 para a coroação do rei George VI. Como Russel não fez polinizações controladas, ninguém tem certeza dos genitores exatos. Supõe-se que sejam as espécies norte-americanas *L. polyphyllus* C. E. Anderson e *L. arboreus* (uma das poucas espécies do gênero com flores amarelas), com possíveis adições de *L. nootkatensis* Donn ex Sims. e outras espécies norte-

americanas (HILL, 1995). Russel também não deixou registros de seus procedimentos, portanto o assunto ainda é muito controverso (BOURNE, 2003). Existem diversas cultivares comerciais dessa planta que encanta a todos pela variedade de cores e beleza de suas flores. Posteriormente, foi introduzida na Nova Zelândia, sendo considerada uma forrageira potencial para ovelhas em solos pobres (HOVELAND; TOWNSEND, 1985). Nessa região, também se naturalizou em beiras de estradas, adornando as paisagens naturais com sua beleza.

As espécies cultivadas são, em sua maioria, consideradas autógamas, apesar de ocorrerem taxas variadas de alogamia, o que, em *L. albus*, pode levar à reversão de linhas doces para linhas amargas (com alto teor de alcalóides). O alto grau do potencial para alogamia entre as espécies americanas pode ser visto pela facilidade com que o lupino Russel foi obtido (HOVELAND; TOWNSEND, 1985).

Algumas espécies do gênero tiveram e continuam tendo grande importância econômica. *L. angustifolius* foi amplamente usada nos séculos 18 e 19 para substituir o café ou para adulterá-lo (GLADSTONES, 1998). Cultivares doces de *L. angustifolius* são ainda cultivadas como forragem nos Estados Unidos (HOVELAND; TOWNSEND, 1985). Em torno de um milhão de hectares de lupinos são cultivados na Austrália (READER et al., 1997), e *L. angustifolius* doce é reconhecida internacionalmente como valioso recurso protéico vegetal (GLADSTONES, 1998). *L. luteus* cresce muito bem no norte da Europa, por causa da sua adaptação a solos arenosos (GLADSTONES, 1970). *L. albus*, *L. luteus* e *L. angustifolius* são ainda cultivadas para grãos, forragem e adubo verde na bacia do Mediterrâneo, e *L. cosentinii* Guss. é usada como forragem de verão para animais no oeste da Austrália (GLADSTONES, 1998).

Em alguns locais do Japão, sementes de *L. angustifolius* são usadas como substrato para fermentação de missô e molho de soja e, no Reino Unido, como substituto das sementes de grão-de-bico. A farinha das sementes de

L. albus é misturada à farinha de trigo para produzir pães. No Oriente Médio, as sementes são utilizadas como petiscos (PETTERSON, 1998). Há também referências de utilização dos lupinos como fonte de proteína em rações para animais domésticos, como porcos, ruminantes, aves e na criação de peixes (EDWARDS; BARNEVELD, 1998).

Atualmente os lupinos são cultivados por três principais razões: como alimento para ruminantes; como adubo verde, contribuindo para melhorar a estrutura do solo; e para nutrição humana, em virtude do seu alto conteúdo de óleo e proteína (FALUYI et al., 2000). Em 2001, foram produzidas 1.387.660 t de lupinos, dos quais 89 % foram produzidos na Austrália. Outros produtores são: Polônia, França e países da América do Sul (FAO, 2001). A Austrália destaca-se na produção de *L. angustifolius*; a Rússia e a Polônia, de *L. luteus* (REINHARD et al., 2006). Em 2005, a área cultivada de lupinos no mundo era de 1.086.000 ha, dos quais 950 mil foram produzidos apenas na Austrália (FAO, 2005).

Taxonomia e distribuição geográfica

Em torno de 200 espécies são reconhecidas (MABBERLEY, 1997), apesar de alguns autores fazerem referência a 150 (BURKART, 1987), 300 (MONTEIRO; GIBBS, 1986) ou até 500 espécies (DUNN, 1971). De acordo com Hughes e Eastwood (2006), existem 275 espécies de *Lupinus*. A maior parte das espécies ocorre em habitats abertos e ensolarados e são intolerantes à sombra. Ocorrem em diversos ambientes, de montanhas a planícies, em solos arenosos ou húmidos e ácidos, em uma ampla gama de climas, variando do úmido ao tipo mediterrâneo e semidesértico, e do subtropical ao subártico e alpino, podendo ser de higrófilas a semixerófilas (BURKART, 1952; BURKART, 1987).

As espécies do gênero apresentam hábito herbáceo ou arbustivo, podendo ser pubescentes, lanosas, seríceas ou

glabras. As folhas são alternas, geralmente digitadas, mas também unifolioladas. As flores variam de violáceas, azuladas, rosadas até brancas, raramente amarelas, dispostas em racemos simples, multifloros. Os legumes apresentam deiscência elástica (BURKART, 1987). Existem espécies anuais e perenes, e muitas possuem alcalóides tóxicos que podem ser utilizados como características taxonômicas (VAN WYK et al., 1995; WINK et al., 1995; AÏNOUCHE et al., 1996).

As 12 espécies reconhecidas para o Velho Mundo, todas anuais, multifolioladas, predominantemente autógamias (PLITTMANN, 1981), e divididas em distintos grupos citotaxonômicos, distribuem-se na região do Mediterrâneo e, com menos frequência, ao norte da África (GLADSTONES, 1998); essa distribuição foi influenciada pelo homem durante os tempos históricos e pré-históricos. Os limites naturais de distribuição são: ao sul, as áreas de desertos da África e, ao norte, as cadeias de montanhas européias (MONTEIRO, 1987). Evidentemente, com as introduções modernas, a distribuição atual de muitas espécies é mais ampla, mas a região mediterrânea e o norte da África representam a zona de origem natural dos táxons do Velho Mundo. São comumente separadas em grupos de espécies de sementes rugosas (*L. pilosus* Murr., *L. cosentinii* Guss., *L. digitatus* Forsk., *L. atlanticus* Gladst., *L. princei* Harms, *L. somaliensis* Baker) e espécies de sementes lisas (*L. albus*, *L. angustifolius*, *L. micranthus* Guss., *L. luteus*, *L. hispanicus* Boiss. & Reut.) (PLITTMANN, 1981). As diferenças entre os dois grupos de espécies são confirmadas por dados serológicos (CRISTOFOLINI, 1989) e protéicos (SALMANOWICZ; PRZYBYLSKA, 1994).

Com exceção das 12 espécies do Velho Mundo, as demais (grande maioria do gênero) são americanas e ocorrem do Alasca ao México, na América do Norte, com ampla distribuição na América do Sul, com exceção da Bacia Amazônica (HILL, 1995). O conhecimento dos *Lupinus* do Novo Mundo continua fragmentário. Existe um número

de registros de floras regionais, como para as espécies argentinas (PLANCHUELO, 1984; PLANCHUELO; DUNN, 1984; PLANCHUELO; DUNN 1989), as espécies brasileiras unifolioladas (MONTEIRO; GIBBS, 1986) e do Sul do Brasil (PINHEIRO; MIOTTO, 2001) e a flora intermontana dos Estados Unidos (BARNEBY, 1989) e da Califórnia (RIGGINS; SHOLARS, 1993). Entretanto, até recentemente, não houve tentativa de integrar esses registros regionais em uma síntese monográfica. Com a ampla análise sistemática do gênero *Lupinus*, em desenvolvimento na Universidade de Oxford por Colin E. Hughes e colaboradores (HUGHES; EASTWOOD, 2006), incluindo análises morfológicas e moleculares, esse panorama tende a se modificar rapidamente.

As espécies americanas são anuais e perenes, autógamas e alógamas, com ocorrência de hibridação, multi ou unifolioladas e ocorrem em habitats primários e secundários (PLITTMANN, 1981). Gross (1986) divide as espécies americanas em dois grupos: norte e sul-americanas. Entre as últimas, aquelas originárias da região atlântica do continente dividem-se em espécies de folhas compostas e espécies de folhas simples ou unifolioladas (ainda há algum debate na literatura sobre se seriam folhas simples verdadeiras ou unifolioladas). Todas as espécies andinas têm folhas compostas.

As espécies unifolioladas apresentam um interessante problema taxonômico-evolutivo: ocorrem em duas áreas geográficas disjuntas – no sudeste dos Estados Unidos, com quatro espécies (DUNN, 1971), e no Centro-Oeste do Brasil, com 14 espécies (MONTEIRO; GIBBS, 1986). Duas espécies, *L. albescens* Hook. & Arn. e *L. paraguariensis* Chod. & Hassl., têm folhas uni e multifolioladas na seqüência de seu desenvolvimento (PLANCHUELO; DUNN, 1984). Revisões taxonômicas mais recentes de ambos os grupos (DUNN, 1971; MONTEIRO; GIBBS, 1986) resolveram problemas de delimitação das espécies. Entretanto, as relações desses dois grupos disjuntos de espécies unifolioladas entre si e com as demais espécies de *Lupinus* ainda devem ser estabelecidas. Com duas áreas

disjuntas, surge a seguinte questão: a condição de folha unifoliolada evoluiu no gênero uma vez, com subsequente dispersão ou vicariância, ou duas vezes de forma independente?

Como mencionado anteriormente, a grande variabilidade morfológica, os tipos de fecundação, a diversidade ecogeográfica, o número e a distribuição geográfica dos táxons, além da ocorrência de hibridação e de diferentes números cromossômicos e níveis de ploidia, certamente contribuem para a complexidade do gênero.

A análise de proteínas da semente também diferencia as espécies do Velho Mundo e do Novo Mundo (PRZYBYLSKA; ZIMNIAK-PRZYBYLSKA, 1995; ZIMNIAK-PRZYBYLSKA; PRZYBYLSKA, 1997). Sequências do gene de cloroplasto *rbcL* e regiões Internal Transcribed Spacer (ITS) de DNA ribossomal mostram uma clara separação entre os dois grandes grupos e também a existência de subgrupos (KÄSS; WINK, 1997).

Käss e Wink (1997) propuseram a existência de quatro grupos de *Lupinus* baseados em dados moleculares do gene *rbcL* e regiões ITS 1+2 de rDNA, a saber: a) as espécies da parte leste da América do Sul; b) o grupo homogêneo das espécies de sementes rugosas (*Scabrispermae*) do Velho Mundo, o qual é distinto do grupo de sementes lisas; c) formação de um grupo com *L. angustifolius*, *L. luteus* e *L. hispanicus* dentro do heterogêneo grupo de sementes lisas; d) os lupinos da América do Norte e da América do Sul, de distribuição oeste.

Pela análise de regiões ITS de DNA nuclear em 44 táxons, Aïnouche e Bayer (1999) separaram os lupinos de sementes lisas dos de sementes rugosas. Em relação às espécies americanas, os dados indicaram: a) sua aparente subdivisão geográfica leste-oeste; b) a relação das espécies anuais do sudeste da América do Norte com as anuais e perenes de folhas simples e compostas do sudeste da América do Sul; c) o reconhecimento do grupo *Platycarpus*, altamente homogêneo, formado por espécies com cotilédones sésseis, derivadas de um ancestral comum.

Os resultados com Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP), Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) e Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD), de Talhinhos et al. (2003), igualmente permitiram a separação de espécies de *Lupinus* do Velho e do Novo Mundo.

Aïnouche et al. (2004), utilizando ITS de rDNA, apoiaram a origem monofilética de *Lupinus* dentro da tribo Genisteeae e mostraram haver diferentes linhagens geográficas dentro do gênero. Em relação às espécies do Novo Mundo, os dados apóiam a disjunção geográfica leste-oeste e o reconhecimento de alguns clados bem suportados. O grupo africano homogêneo de lupinos de sementes rugosas, *Scabrispermae*, é considerado um grupo monofilético, distinto do grupo heterogêneo mediterrâneo de sementes lisas.

Em todos esses trabalhos, a amostragem das espécies sul-americanas e andinas foi bastante restrita (de 1 a 6 táxons). A análise molecular em desenvolvimento por Colin E. Hughes e colaboradores (HUGHES; EASTWOOD, 2006), com seqüências de regiões de ITS nuclear e seqüências do gene nuclear *LEGCYCIA*, incluiu, pela primeira vez, um grande número de táxons norte-americanos, andinos e do sudeste da América do Sul, e espécies unifolioladas do Brasil e dos Estados Unidos. Os dados mostram que as espécies do sudeste da América do Sul estão separadas daquelas da região dos Andes (com poucas exceções) e da América do Norte e que, embora distintos, esses dois grupos são próximos. Também evidenciam uma independência dos dois grupos de espécies unifolioladas: as do Brasil, agrupadas com as demais espécies do sudeste da América do Sul, e as dos Estados Unidos, mais próximas das espécies do Velho Mundo.

Origem e evolução

De acordo com trabalhos recentes, de filogenética e filogenômica das leguminosas, o gênero *Lupinus* pertence

ao clado genistóide, um dos sete clados da subfamília Faboideae (Papilionoideae) (CRONK et al., 2006).

A origem do gênero é discutível, havendo sugestões de origem no Velho e no Novo Mundo.

Em linhas gerais, aceita-se que *Lupinus* teria evoluído a partir das Sophoreae tropicais e subtropicais, uma tribo primitiva dentro da subfamília Faboideae. As Sophoreae, por sua vez, teriam surgido da subfamília, ainda mais primitiva, Caesalpinioideae, talvez no Paleoceno ou Eoceno do Terciário Inferior (há cerca de 40–70 milhões de anos). Quanto ao surgimento posterior do gênero em si, provavelmente no Terciário Médio ou Tardio, existem duas grandes correntes de pensamento. A primeira, a rota do Hemisfério Norte, sugere que a tribo Genisteeae (onde está *Lupinus*) teria evoluído a partir de Sophoreae, via tribo Thermopsidae, com sugestões de origem no Velho Mundo ou na América do Norte. A segunda corrente, a rota do Hemisfério Sul, sugere que *Lupinus* se originou na América do Sul a partir do gênero *Crotalaria* L.

Trabalhos com proteínas de sementes (CRISTOFOLINI, 1989), DNA de cloroplastos (BADR et al., 1994) e seqüências ITS de DNA ribossomal (AÏNOUCHE; BAYER, 1999) apóiam fortemente a origem monofilética do gênero. Entretanto, a biogeografia e a evolução do gênero têm sido foco de muita especulação e permanentes controvérsias. Algumas espécies são naturalizadas na região do Mediterrâneo, na Ásia e na África, mas o maior número de espécies, assim como os maiores centros de especiação, estão localizados na América do Norte e América do Sul (PLANCHUELO, 1984; PLANCHUELO; DUNN, 1984).

Plittmann (1981) propôs uma origem norte-americana, com introduções para a América do Sul e para o Velho Mundo. Dunn (1971) considerou a América do Sul como o centro de origem do gênero. Existem suposições de que o centro original de evolução do gênero seria a América do Sul, e as espécies perenes unifolioladas do Nordeste do Brasil seriam a forma primitiva (DUNN, 1984; GROSS, 1986).

Dados de serologia (CRISTOFOLINI, 1989) e de isoenzimas (WOLKO; WEEDEN, 1990a; WOLKO; WEEDEN, 1990b; WOLKO, 1995) e as distâncias genéticas obtidas pela análise do gene de cloroplasto *rbcL* e regiões ITS de DNA ribossomal (KASS; WINK, 1997; AÏNOUCHE; BAYER, 1999) não apóiam a origem única norte-americana, mas indicam uma origem no Velho Mundo, com colonização posterior independente da América do Norte e da América do Sul ocidental e oriental. A migração deve ter ocorrido através da ponte de terra do Estreito de Bering ou através do Oceano Atlântico, por transporte de sementes por longa distância (GLADSTONES, 1998). Comparação das proteínas de reserva das sementes sugere uma origem na Ásia temperada e subtropical, tendo as regiões mediterrâneo-africana e americana como centros secundários de especiação (CRISTOFOLINI, 1989).

Com base na grande diversidade de espécies encontradas no continente americano, Planchuelo-Ravelo (1984) considera que a América do Sul seja um centro biológico de especiação e separa as espécies de *Lupinus* em duas regiões geográficas: a) a região atlântica, que compreende o leste do Brasil, o Uruguai, o Paraguai, o centro e o leste da Argentina; b) a região andina, que se estende pelas montanhas dos Andes, do Chile e do noroeste da Argentina, até as planícies da Patagônia, no extremo sul da América do Sul. Gross (1986) também reconheceu essas duas regiões geográficas de distribuição.

As espécies com folhas digitadas apresentam distribuição ampla, enquanto as de folhas unifolioladas ou simples ocorrem principalmente no Brasil central e no Sudeste (MONTEIRO; GIBBS, 1986), além de quatro táxons no sul da América do Norte. Seqüências ITS de DNA ribossomal (AÏNOUCHE; BAYER, 1999) sugerem que as espécies uni e multifolioladas da América do Sul derivaram de um mesmo ancestral, o que foi apoiado por dados citogenéticos de Conterato e Schifino-Wittmann (2006). Estes últimos autores também demonstraram a separação citogenética, possivelmente refletindo origens distintas dos dois grupos

de espécies unifolioladas, o que é apoiado por dados de Hughes e colaboradores (HUGHES; EASTWOOD, 2006).

Gladstones (1998), com base em trabalhos anteriores e nas análises de DNA, formulou uma hipótese em relação à origem e evolução do gênero, na qual *Lupinus* seria um produto final, avançado, de um processo evolutivo que iniciou no Hemisfério Norte (Velho Mundo), com desenvolvimento progressivo e com ramificação para o leste da América do Sul, África do Norte, Mediterrâneo e, finalmente, América do Norte e oeste da América do Sul. *Lupinus* não seria um descendente direto de Sophoreae, Thermopsidae ou Crotalariae, mas um produto final avançado de um fluxo evolutivo do qual essas tribos seriam ramos sucessivamente divergentes. Dentro de *Lupinus*, teria havido desenvolvimento progressivo e ramificação, primeiramente das espécies unifolioladas da costa oriental da América do Sul; depois, do grupo de sementes rugosas do norte da África e adjacências; e, em seguida, das espécies pan-mediterrâneas de sementes lisas. As espécies norte-americanas, da região andina e da costa ocidental da América do Sul seriam um ponto final, o grupo mais evoluído de todos.

Hughes e Eastwood (2006) demonstram que, com exceção das espécies unifolioladas da Flórida, as demais espécies do Novo Mundo estão colocadas em duas grandes linhagens independentes, que correspondem aos principais números cromossômicos ($2n=36$ e $2n=48$). Ambas as linhagens compreendem elementos das Américas do Norte e do Sul, com as espécies do sudeste da América do Sul mais intimamente relacionadas a um pequeno grupo de espécies norte-americanas da aliança *L. texensis*. As demais espécies do Novo Mundo estão colocadas em um grande grupo distribuído na América do Norte, no México e nos Andes. A filogenia mostra que a diversificação das espécies andinas foi relativamente recente, após o soerguimento dos Andes, e extremamente rápida, fornecendo o exemplo mais marcante até hoje registrado de uma diversificação

explosiva em plantas. O trabalho de Hughes e Eastwood (2006) contradiz a hipótese de Gladstones (1998) de que as espécies do sudeste da América do Sul sejam as mais próximas daquelas do Velho Mundo e sugere que os táxons do sudeste da América do Sul tenham se originado das espécies norte-americanas.

A origem do gênero no Velho Mundo parece ser consenso, mas serão necessárias mais informações para um melhor entendimento dos processos evolutivos e relações entre os diferentes grupos, especialmente das espécies americanas entre si e com as do Velho Mundo.

Citogenética

O gênero *Lupinus* é um dos casos em que as informações citogenéticas, mesmo aquelas consideradas simples, no que diz respeito ao número cromossômico, permitem uma série de inferências taxonômicas e evolutivas.

O número cromossômico básico é considerado $x=6$, com amplo envolvimento de poliploidia, configurando a existência de uma série poliplóide, e aneuploidia durante a evolução. Dunn (1984) sugeriu que o gênero teria derivado, por aneuploidia, de *Crotalaria* ($x=7$ dando origem a $x=6$ de *Lupinus*), mas, como já foi mencionado, a origem a partir de *Crotalaria* não é unânime entre os pesquisadores. A observação de grande número de locos isoenzimáticos duplicados levou à sugestão de uma origem poliplóide para o genoma de *Lupinus*, com perda, em graus variados, desses locos durante o processo evolutivo (WOLKO, 1995).

Os cromossomos das espécies de *Lupinus*, em geral, têm de 1 μm a 4 μm (MALHEIROS, 1942; ATKINS et al., 1998). São referidos números cromossômicos de $2n=18, 24, 32, 36, 40, 48, 50, 52$ e até 96. (DARLINGTON, 1955; FEDOROV, 1969; DUNN, 1984; CAIRSTAIRS et al., 1992; PAZY et al., 1977; INDEX..., 2006). As 12 espécies do Velho Mundo estão em distintos grupos citotaxonômicos ($2n=52,$

50, 42, 40, 38, 36 e 32), alguns deles monoespecíficos (GLADSTONES, 1998). Em relação às quatro espécies mais utilizadas, *L. albus* tem $2n=50$; *L. angustifolius*, $2n=40$; *L. luteus*, $2n=52$; e *L. mutabilis*, $2n=48$ (FEDOROV, 1969; HOVELAND; TOWNSEND, 1985; ATKINS et al., 1998). Entre as espécies norte-americanas, o predomínio é de $2n=48$ (contagens realizadas para cerca de 50 espécies), eventualmente $2n=96$ (cerca de seis espécies, em geral, como raças cromossômicas de táxons com $2n=48$) e, em três espécies, foi encontrado $2n=6$ (*L. texensis* Hook., *L. russelianus* C. P. Smith, *L. subcarnosus* Hook) (DARLINGTON, 1955; FEDOROV, 1969; DUNN, 1984; GLADSTONES, 1998; INDEX..., 2006). Até recentemente, as informações citogenéticas sobre as espécies sul-americanas do leste da América do Sul eram inexistentes e, para as espécies da região andina, eram restritas a *L. mutabilis* e, talvez, um ou dois outros táxons.

O número cromossômico em espécies do sudeste da América do Sul foi determinado, pela primeira vez, por Maciel e Schifino-Wittmann (2002), para nove espécies. Os autores verificaram o predomínio de $2n=36$, eventualmente raças intra-específicas com $2n=32$ e $2n=34$ (em *L. bracteolaris* Desr. e *L. linearis* Desr.), e sugeriram que os lupinos do leste da América do Sul formariam um grupo citologicamente diferenciado dos lupinos norte-americanos, o que apoiava os dados moleculares de Käss e Wink (1997). Conterato e Schifino-Wittmann (2006) confirmaram o número cromossômico para algumas dessas espécies e analisaram mais cinco espécies brasileiras, incluindo três espécies unifolioladas, todas com $2n=36$. Nesse trabalho, foi determinado, também pela primeira vez, o número cromossômico de 13 táxons andinos – todos com $2n=48$, com exceção de *L. bandelierae* C. P. Smith ($2n=36$), espécie que ocorre mais ao sul da América do Sul, na região extra-andina indo até a Bolívia – e de duas das quatro espécies unifolioladas do sul dos Estados Unidos, ambas com $2n=52$, número até então desconhecido para as espécies americanas. Com esses dados, os autores demonstraram a separação

citológica das espécies do sudeste da América do Sul, não só da maioria das norte-americanas como também das andinas, assim como dos dois grupos de espécies unifolioladas, indicando origens distintas. Camillo et al. (2006) analisaram outras 13 espécies de *Lupinus* da região andina, encontrando $2n=48$ também para todas.

Não há uma correlação clara entre número cromossômico e quantidade de DNA. As quantidades $2C$ de DNA nuclear já determinadas variam de 0,94 pg, em *L. micranthus* ($2n=52$), a 2,98 pg, em *L. atlanticus* ($2n=38$) (NAGANOWSKA et al., 2003a; BENNET; LEITCH, 2004), uma variação superior a três vezes. Naganowska et al. (2006), analisando espécies sul e norte-americanas, verificaram que a variação nas norte-americanas foi maior que nas sul-americanas. Os valores $2C$ de DNA variaram de 1,08 pg, em *L. pusillus* Pursh., a 2,68 pg, em *L. albicaulis* Douglas ex. Hook, ambas espécies norte-americanas com $2n=48$, uma variação, portanto, de mais de 2,5 vezes. Variações interespecíficas na quantidade de DNA foram observadas para diversas espécies da região mediterrânea (GAMMAR et al., 1999). Grande quantidade de DNA satélite foi observada em *L. angustifolius* (STRUBBE et al., 1982).

Fluorescent in situ Hybridization (FISH) foi recentemente utilizada em algumas espécies do Velho Mundo para determinar a distribuição genômica de genes de rRNA (NAGANOWSKA; ZIELINSKA, 2002; NAGANOWSKA et al., 2003b). Por meio das técnicas de Primed in situ DNA Labeling (PRINS) e Cycling PRINS (C-PRINS), vários tipos de seqüências de DNA foram mapeadas em cromossomos mitóticos de *L. angustifolius* (KACZMAREK et al., 2006).

Dunn (1984) havia proposto $x=6$ como o número básico para o gênero *Lupinus*. As informações citogenéticas existentes, especialmente as mais recentes, apóiam tal sugestão, indicando a existência de diferentes níveis de poliploidia, assim como aneuploidias, no gênero. A prevalência de $2n=48$ ($8x$) entre as espécies andinas e norte-americanas apóia a

sugestão de que a poliploidia teria acompanhado a evolução dessas espécies e a colonização da região (GLADSTONES, 1998). Além disso, as informações para a região extra-andina da América do Sul mostram que, nessa região, os eventos de especiação teriam envolvido níveis de ploidia ($6x$) mais baixos. Um aspecto interessante nessa questão de número cromossômico, taxonomia e evolução é que, nas análises moleculares de Aïnouche e Bayer (1999) e Aïnouche et al. (2004), a espécie norte-americana com $2n=36$ analisada (*L. texensis*) foi agrupada com os três táxons analisados do sudeste da América do Sul (*L. paraguariensis*, *L. multiflorus* Desr. e *L. bracteolaris*), enquanto a andina *L. mutabilis* ($2n=48$) agrupou-se com as demais norte-americanas com $2n=48$. Como referido anteriormente, o trabalho de Hughes e Eastwood (2006) mostrou, também, agrupamento das espécies americanas de acordo com seu número cromossômico.

Conterato e Schifino-Wittmann (2006), com base nos dados citogenéticos da literatura e em seus próprios resultados, apoiaram a sugestão de que o número básico para as espécies americanas seria $x=6$ (DUNN, 1984; GLADSTONES, 1998), com prevalência do nível hexaplóide ($2n=6x=36$) para os táxons sul-americanos e octaplóide ($2n=8x=48$) para os andinos e norte-americanos, e sugeriram que ambos poderiam ter se originado de um ancestral extinto ou desconhecido com $2n=4x=24$ ou $2n=6x=36$. Seguindo os pressupostos da hipótese de Gladstones (1998), de evolução por ramificação progressiva a partir das espécies do norte da África, Conterato e Schifino-Wittmann (2006) sugeriram que esse ancestral norte-africano ($2n=24$ ou 36) teria migrado para o leste da América do Sul, dando origem às espécies com $2n=6x=36$, bem como para a região do Mediterrâneo, onde a evolução foi acompanhada por poliploidia e aneuploidia ($2n=32, 36, 38, 40, 42, 50, 52$). Em seguida, migrou para a América do Norte ($2n=8x=48$) com outro ciclo posterior de duplicação, originando as espécies/raças com $2n=16x=96$, e, finalmente, para a região

andina ($2n=8x=48$). As espécies com $2n=36$, ocorrentes na América do Norte e genomicamente semelhantes às do sudeste da América do Sul, poderiam ter alcançado a América do Norte por dispersão das sementes a longa distância. Existência desse mecanismo de dispersão no gênero já havia sido sugerida por Dunn (1971). Entretanto, Hughes e Eastwood (2006) refutaram a hipótese de Gladstones (1998) em relação às espécies do leste da América do Sul. De acordo com esses autores, as espécies sul-americanas com $2n=36$ teriam se originado das norte-americanas com $2n=36$, e as andinas com $2n=48$ teriam se originado das norte-americanas com $2n=48$. Diante disso, a evolução cromossômica das espécies americanas deve ser reavaliada. Como os dois grupos citológicos são irmãos, resta a dúvida a respeito de qual seria a constituição cromossômica do ancestral comum a ambos.

O que fica evidente é que há uma fortíssima correlação entre filogenia e número cromossômico, demonstrando que a evolução cromossômica foi fundamental para a diversificação das espécies e evolução do gênero *Lupinus* como um todo.

A não-correlação direta entre número cromossômico e quantidade de DNA sugere que durante a evolução e especiação, além das alterações de número cromossômico, houve também alterações na quantidade absoluta de DNA. A utilização de técnicas, como bandamento C, FISH e Genomic in situ Hybridization (GISH), poderia auxiliar no entendimento dessas alterações.

História antiga e domesticação

A primeira domesticação dos lupinos ocorreu relativamente tarde, quando comparada com a das lentilhas e ervilhas, provavelmente em 4000–3000 a.C., com sugestões de que teriam sido incorporados à agricultura inicialmente por sua capacidade de fixação de nitrogênio e restauração

da fertilidade do solo e não diretamente como uma cultura alimentícia (HILL, 1995). As duas espécies confirmadamente utilizadas como alimento humano são *L. albus* (Velho Mundo) e *L. mutabilis* (Novo Mundo), mas há sugestões de que outras espécies também tenham sido utilizadas como alimento (GLADSTONES, 1998).

No Velho Mundo, o cultivo iniciou-se no Egito, talvez já em 2000 a.C., mas é mais provável que os lupinos tenham chegado ao Egito em 300 a.C. (HILL, 1995). Já eram conhecidos dos gregos antigos e romanos. O nome genérico *Lupinus* é derivado do latim *lupus*, que quer dizer lobo, pois, como essas plantas cresciam em solos pobres, pareciam devastá-los, à semelhança do que os lobos faziam com outros animais. Escritores gregos e romanos, como Teofrasto, Varro e Columella, já sabiam da capacidade que os lupinos tinham de crescer em solos pobres e de seu papel na melhoria da fertilidade (HILL, 1995). Hipócrates já mencionava o valor medicinal, nutricional e cosmético das sementes de lupinos. A agricultura romana os utilizou bastante, especialmente *L. albus*, para adubo verde (GLADSTONES, 1998) e, há mais de 2 mil anos, Virgílio observou as vantagens de cultivar lupinos em rotação com o trigo (HAMBLIN, 1998). Na Antigüidade, entretanto, o consumo das sementes por humanos e animais foi sempre limitado pela presença dos alcalóides amargos (GLADSDTONES, 1998).

Os ancestrais silvestres das três espécies tradicionalmente cultivadas no Velho Mundo são bem conhecidos:

1) *L. albus* – A forma cultivada tem sementes grandes e é utilizada há bastante tempo no Mediterrâneo e no Vale do Nilo. As flores são branco-azuladas; as vagens, indeiscentes; as sementes são permeáveis e, normalmente, com alto teor de alcalóide. As formas silvestres, por sua vez, são caracterizadas pelas flores azuis, legumes deiscentes e sementes menores, mais amargas, com casca mais grossa e impermeáveis. As formas silvestres eram antes descritas

como espécies separadas, sob os epítetos de *L. jugoslavicus* Kazimierski & Nowacki, *L. graecus* Boiss. & Spruner ou *L. vavilovii* Atabekova & Maissurjan. Como essas três espécies têm o mesmo número cromossômico ($2n=50$) e são intercruzáveis entre si e com a forma cultivada, a tendência atual é considerá-las como *L. albus* var. *graecus*. Portanto, a espécie *L. albus* é considerada um complexo reunindo as formas cultivadas e as silvestres (GLADSTONES, 1998; ZOHARY; HOPF, 2000).

2) *L. angustifolius* – Os contrastes fenotípicos entre as formas cultivadas e as silvestres, apesar de menos extremos do que em *L. albus*, levaram também a confusões. As formas silvestres eram antes chamadas de *L. varius*; atualmente, porém, esse epíteto é sinônimo de *L. angustifolius*.

3) *L. luteus* – Não apresenta problemas taxonômicos, mas não se sabe o quanto de sua distribuição atual é realmente nativa ou naturalizada. Tem flores amarelas atrativas e perfumadas e é amplamente cultivada também como ornamental (GLADSTONES, 1998).

Apesar do grande número de espécies americanas, a única efetivamente cultivada foi *L. mutabilis* Sweet (tarwi, chocho). Supõe-se que já seria cultivada na região dos Andes, no atual Peru, durante o período Chavinóide, entre 2000–1000 a.C.; na cultura Tiahuanacóide, entre 800–1200 d.C.; e, posteriormente, pelos Incas (HILL, 1995). Possui vagens indeiscentes e grandes, sementes permeáveis, em geral brancas, mas retém a característica silvestre de alto conteúdo de alcalóides. Para retirá-los, as sementes deveriam ser imersas em água corrente e depois cozidas ou torradas (PETTERSON, 1998). Seus ancestrais silvestres são bem conhecidos e têm folhas menores, mais estreitas, sementes menores e pretas ou marmorizadas e impermeáveis. A polinização cruzada é muito comum, vindo daí o epíteto específico *mutabilis* (GLADSTONES, 1998). Alguns autores mencionaram o uso da espécie em rituais religiosos andinos, pois teria papel curativo nas doenças cardíacas, e

reumáticas, bem como nas infecções parasíticas internas, similares àqueles papéis atribuídos a *L. albus* em Roma (GLADSTONES, 1998). A dominação pelos espanhóis levou a uma mudança nos hábitos alimentares dos povos indígenas e só mais recentemente é que o interesse no uso de *L. mutabilis* como alimento foi renovado (PETTERSON, 1998).

L. albus e *L. mutabilis* são um caso interessante de paralelismo na antiga domesticação de plantas, por terem sido cultivadas por povos diferentes, que não mantiveram nenhum contato. Tanto os antigos egípcios e romanos quanto os peruanos conheciam o método de eliminação prévia dos alcalóides por maceração (ou imersão em água) das sementes, antes de seu consumo (BURKART, 1952).

História recente e melhoramento

Pode-se dizer que, apenas recentemente, algumas espécies foram realmente domesticadas e algumas ainda estão em processo de domesticação.

A pesquisa relativamente mais recente com *Lupinus* iniciou no século 18, com introduções de *L. albus*, *L. luteus* e *L. angustifolius* da Itália, França e Espanha para a Alemanha, onde foram feitas avaliações experimentais (GLADSTONES, 1998). A lupinose, que afeta severamente ovelhas, e o barateamento dos fertilizantes nitrogenados levaram a um declínio da área cultivada com lupinos na Alemanha, com um certo renascimento do interesse durante a Primeira Guerra Mundial, por causa da escassez de proteína (HILL, 1995). Nesse ínterim, as espécies mediterrâneas foram amplamente disseminadas pelos imigrantes europeus para a Austrália, para a Nova Zelândia, e para as Américas do Sul e do Norte. No início da década de 1930, já existiam linhas livres de alcalóides, mas sua manutenção era prejudicada, em virtude de uma taxa variável de fecundação cruzada.

O grande foco do melhoramento em *Lupinus* é a seleção de linhas doces, livres de alcalóides. No entanto, os

primeiros melhoristas alemães já haviam percebido que os lupinos não expressavam seu máximo potencial como plantas cultivadas, se a remoção total de alcalóides fosse efetuada. Na Espanha, em Portugal e na Itália, é difícil manter cultivares doces de *L. albus*, *L. angustifolius* e *L. luteus* livres dos contaminantes amargos, por causa da ocorrência de formas selvagens das mesmas espécies próximas aos cultivos doces. O sucesso dos lupinos doces na Austrália e na Polônia deve-se ao rígido controle sobre os alcalóides durante o melhoramento e seleção (COWLING et al., 1998).

O primeiro passo para o melhoramento dos lupinos, como plantas de cultivo, foi dado em 1928–1929 por von Sengbusch na Alemanha, com a primeira seleção de cultivares de *L. luteus* e *L. angustifolius* com baixos teores de alcalóides e, em 1930–1931, para *L. albus* (COWLING et al., 1998). Mais tarde, entre 1954 e 1967, *L. angustifolius* foi totalmente domesticada por John Gladstones, na Austrália. Nos três casos, genes para baixos teores de alcalóides foram combinados com debulha não natural dos legumes e das sementes macias.

Na década de 1970, foram selecionados mutantes de *L. angustifolius*, *L. albus* e *L. luteus*, com 0,001 %, 0,06 % e 0,02 % de alcalóides, respectivamente (LEWIS, 1983).

Outras espécies como *L. cosentinii*, *L. atlanticus* Gladstones, *L. pilosus* e *L. mutabilis* foram domesticadas, ou têm base genética favorável à domesticação (GLADSTONES, 1998).

Gladstones conduziu vários trabalhos de melhoramento a partir da década de 1950, para diversas características, principalmente em *L. angustifolium* e, depois, em *L. cosentinii*. Com a ajuda de mutantes naturais e induzidos, Gladstones realizou a domesticação de *L. cosentinii*, lançando a cultivar Erregula que, em decorrência de problemas agrônômicos, não se estabeleceu comercialmente (COWLING et al., 1998).

Vários melhoristas, em diversos locais, trabalharam com *L. albus*, e o melhoramento de *L. luteus* foi desenvolvido

principalmente na Alemanha e na Polônia. Com relação à *L. mutabilis*, os esforços foram para que fosse convertida em uma cultura moderna por pesquisadores da América do Sul, da Inglaterra, da França e da Alemanha. A cultivar Inti, de *L. mutabilis*, livre de alcalóides, foi obtida em um programa de melhoramento no Chile e liberada pelos irmãos von Baer (HILL, 1995). Essa cultivar, um mutante doce, com 0,06 % de alcalóides, marcou o início da total domesticação da espécie (COWLING et al., 1998). Outros mutantes doces de *L. mutabilis* foram também encontrados por von Sengbusch nos anos de 1930, mas foram aparentemente perdidos (GLADSTONES, 1998).

Nos anos de 1960, nos Estados Unidos, foi desenvolvido em *L. angustifolius* cv. Rancher melhoramento para aumento da resistência a doenças, como a antracnose e a cercosporiose. Mais recentemente, várias cultivares com resistência a diversas doenças vêm sendo desenvolvidas. Além disso, para gerar modificações na arquitetura das plantas de *L. albus*, a seleção tem conseguido aumento no rendimento das sementes sob condições europeias (COWLING et al., 1998).

Sementes de lupinos doces foram formalmente aceitas para consumo humano pelo governo da Austrália em 1987, e pelo governo do Reino Unido em 1996 (COX, 1998).

Em programas de melhoramento de espécies de lupinos silvestres e cultivadas, são de grande importância as seguintes atividades: coleta, documentação, avaliação, conservação e utilização. Esse fato foi reconhecido pelos primeiros melhoristas da Alemanha, da Polônia e da Holanda, vários dos quais coletaram lupinos nos países mediterrâneos, nos anos de 1930–1940 (BUIRCHEL et al., 1998). Por exemplo, tolerância ao frio em *L. albus* foi verificada em tipos silvestres do norte da Itália, e resistência à antracnose, em populações silvestres da Etiópia. Em *L. luteus*, verificou-se resistência à *Fusarium* em tipos selvagens portugueses. Essa espécie é a mais resistente à seca sob condições europeias, e mais tolerante a solos ácidos

e à toxicidade por alumínio em experiências no oeste da Austrália (COWLING et al., 1998).

O melhoramento moderno de *Lupinus* busca, além de aumento de produção, resistência a moléstias e tolerância a fatores ambientais, a seleção de linhas com baixo teor de alcalóides, e envolve, além da identificação de mutantes, cruzamentos e cultura de anteras (HOVELAND; TOWNSEND, 1985; HILL, 1995; COWLING et al., 1998).

Como em diversos outros organismos, esforços no intuito de mapear o genoma de algumas espécies do gênero vêm sendo realizados. Por exemplo, o mapeamento parcial do genoma de *L. angustifolium* foi realizado com marcadores isoenzimáticos e de Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) (WOLKO, 1995). *Southern Blot* do DNA genômico de *L. luteus* revelou que cada gene para leghemoglobina seria provavelmente representado por uma única cópia (STRÓZYCKI et al., 1995). Yang et al. (2002), utilizando Microsatellite Anchored Fragment Length Polymorphism (MFLP), detectaram marcadores próximos ao gene *Phr1*, que confere resistência a um tipo de murcha-do-caule (*Phomopsis stem blight*), uma das principais doenças de *L. angustifolius*. Boersma et al. (2005), também com MFLP, conseguiram mapear alguns genes de *L. angustifolius*, ligados a características fenotípicas de domesticação. Francki e Mullan (2004) detectaram semelhanças entre seqüências do genoma de soja e de *L. angustifolius*, o que abre oportunidades para estudos de sintenia. Kasprzak et al. (2006) construíram a primeira biblioteca genômica de *L. angustifolius* (com 55.296 clones), por meio de Bacterial Artificial Chromosomes (BAC).

Já existem protocolos para organogênese e regeneração de plantas para várias espécies (ATKINS et al., 1998), e até mesmo fusão de protoplastos (BABAÓGLU, 2000; SINHA; CALIGARI, 2005). Transformação mediada por *Agrobacterium* para diversas características, como tolerância a herbicidas (PIGEAIRE et al., 1997), resistência a vírus e balanço hormonal, entre outras, vem sendo desenvolvida (ATKINS et al., 1998). A produção de plantas transgênicas de

L. angustifolius, por incorporação de um gene de albumina de semente de girassol, aumentou o conteúdo de metionina e o valor nutritivo (MOLVIG et al., 1997). Várias cultivares de *L. angustifolius* e *L. luteus*, obtidas por engenharia genética, por intermédio da técnica do DNA recombinante, já estão sendo cultivadas (HAMBLIN, 1998).

Perspectivas

Melhoristas modernos continuam a buscar aumento de resistência a doenças, de produção e de qualidade nos lupinos domesticados. No período de 1973–1991, houve um incremento anual de 2,4 % na produção em *L. angustifolius*, valor esse muito acima da maioria das culturas mundiais. Isso tem sido possível em decorrência da recente domesticação. Muito deverá ainda ser feito no que diz respeito à exploração da variabilidade natural existente no gênero, por meio de cruzamentos das espécies cultivadas tradicionais com formas silvestres. E, com certeza, a manipulação biotecnológica será uma importante ferramenta no melhoramento dos lupinos.

Além disso, não se deve esquecer do imenso número de espécies ainda não utilizadas. Provavelmente não será identificada uma outra cultura granífera, mas, certamente, muitas espécies ainda têm potencial inexplorado. Especificamente pela beleza de suas flores, muitas espécies silvestres poderiam ser utilizadas como ornamentais. Apenas para citar um exemplo regional, das 13 espécies descritas por Pinheiro e Miotto (2001) para o Rio Grande do Sul, várias, como *Lupinus paranensis* C. P. Sm., *L. rubriflorus* Planchuelo e *L. uleanus* C. P. Sm., poderiam ser exploradas como ornamentais.

É claro que, para utilização de espécies alternativas às tradicionais, haverá necessidade de uma ampla caracterização do germoplasma, por múltiplas abordagens, assim como uma avaliação agrônômica para o tipo de utilização pretendida.

Referências

AÏNOUCHE, A. K.; BAYER, R.; MISSET, M. T. Molecular phylogeny, diversification and character evolution in *Lupinus* (Fabaceae) with special attention to Mediterranean and African lupines. **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 246, p. 211-222, 2004.

AÏNOUCHE, A. K.; BAYER, R. Phylogenetic relationships in *Lupinus* (Fabaceae, Papilionoideae) based on internal transcribed spacer sequences (ITS) of nuclear ribosomal DNA. **American Journal of Botany**, St. Louis, v. 86, p. 590-607, 1999.

AÏNOUCHE, A. K.; GREINWALD, R.; WITTE, L.; HUON, A. Seed alkaloid composition of *Lupinus tassilicus* Maire (Fabaceae: Genisteae) and comparison with its related rough seeded lupin species. **Biochemical Systematics and Ecology**, Kidlington, v. 24, p. 405-414, 1996.

ALLEN, J. G. Toxins and lupinosis. In: GLADSTONES, J. S.; ATKINS, C. A.; HAMBLIN, J. (Ed.). **Lupins as crop plants: biology, production and utilization**. Cambridge: CAB International, 1998. p. 411-436.

ATKINS, C. A.; SMITH, P. M. C.; GUPTA, S.; JONES, M. G. K.; CALIGARI, P. D. S. Genetics, cytology and biotechnology. In: GLADSTONES, J. S.; ATKINS, C. A.; HAMBLIN, J. (Ed.). **Lupins as crop plants: biology, production and utilization**. Cambridge: CAB International, 1998. p. 67-92.

BABAÓGLU, M. Protoplast isolation in lupin (*Lupinus mutabilis* Sweet): determination of optimum explant sources and isolation conditions. **Turkish Journal of Botany**, Ankara, v. 24, p. 177-185, 2000.

BADR, A.; MARTIN, W.; JENSEN, U. Chloroplast DNA restriction site polymorphism in Genisteae (Leguminosae) suggests a common origin for European and American lupines. **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 193, p. 95-106, 1994.

BARNEBY, R. C. *Lupinus*. In: CRONQUIST, A. (Ed.). **Intermountain flora**. New York: New York Botanical Garden, 1989. p. 57-72.

BENNET, M. D.; LEITCH, I. J. Angiosperm DNA C-values database, 2004. Disponível em: <<http://www.rbgekew.org.uk/cval/homepage.html>>. Acesso em: 20 mar. 2006.

BISBY, F. A. Genisteae (Adans.) Benth. In: POLHILL, R. M., RAVEN, P. H. (Ed.). **Advances in legume systematics**. Kew: Royal Botanic Gardens, 1981. p. 409-425.

BOERSMA, J. G.; PALLOTTA, M.; LI, C.; BUIRCHELL, B. J.; SIVASITHAMPARAM, K.; YANG, H. Construction of a genetic linkage map using MFLP and identification of molecular markers linked to domestication genes in narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.). **Cellular & Molecular Biology Letters**, Wrocław, v. 10, p. 331-344, 2005.

BOURNE, V. Scaling new heights. **The Garden**, Peterborough, v. 128, p. 360-367, 2003.

BUIRCHELL, B. J.; COWLING, W. A. Genetic resources in lupins. In: GLADSTONES, J.S.; ATKINS, C.A.; HAMBLIN, J. (Ed.). **Lupins as crop plants: biology, production and utilization**. Cambridge: CAB International, 1998. p. 41-66.

BURKART, A. **Las leguminosas argentinas silvestres y cultivadas**. Buenos Aires: ACME Agency, 1952. 509 p.

BURKART, A. *Lupinus* L. In: BURKART, N. S. T.; BACIGALUPO, N. M. (Ed.). **Flora ilustrada de Entre Ríos (Argentina)**. Buenos Aires: INTA, 1987. p. 628-638. (Colección Científica del Inta, v. 6, n. 3).

CAMILLO, M. F.; POZZOBON, M. T.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T. Chromosome numbers in South American Andean species of *Lupinus* (Leguminosae). **Bonplandia**, Corrientes, v. 15, 2006. No prelo.

- CARSTAIRS, S. A.; BUIRCHELL, B. J.; COWLING, W. A. Chromosome number, size and interspecific crossing ability of three Old World lupins, *Lupinus princei* Harms, *L. atlanticus* Gladstones and *L. digitatus* Forsk I, and implications for cyto-systematic relationships among the rough-seeded lupins. **Journal of the Royal Society of Western Australia**, Welshpool, v. 75, p. 83-88, 1992.
- CONTERATO, I. F.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T. New chromosome numbers, meiotic behaviour and pollen fertility in American taxa of *Lupinus* (Leguminosae): contributions to taxonomic and evolutionary studies. **Botanical Journal of the Linnean Society**, London, v. 150, p. 229-240, 2006.
- COWLING, W. A.; HUYGHE, C.; SWIECICKI, W. Lupin breeding. In: GLADSTONES, J. S.; ATKINS, C. A.; HAMBLIN, J. (Ed.). **Lupins as crop plants: biology, production and utilization**. Cambridge: CAB International, 1998. p. 93-120.
- COX, B. J. IOPB chromosome number report. **Taxon**, Vienna, v. 21, p. 680-681, 1972.
- COX, B. J. Marketing and trade. In: GLADSTONES, J. S.; ATKINS, C. A.; HAMBLIN, J. (Ed.). **Lupins as crop plants: biology, production and utilization**. Cambridge: CAB International, 1998. p. 437-454.
- CRISTOFOLINI, G. A serological contribution to the systematics of the genus *Lupinus* (Fabaceae). **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 166, p. 265-278, 1989.
- CRONK, Q.; OJEDA, I.; PENNINGTON, R. T. Legume comparative genomics: progress in phylogenetics and phylogenomics. **Current Opinion in Plant Biology**, Oxford, v. 9, p. 99-103, 2006.
- DARLINGTON, C. D. **Chromosome atlas of flowering plants**. London: George Allen-Unwin, 1955. 519 p.
- DUNN, D. B. A case of long range dispersal and "rapid speciation" in *Lupinus*. **Transactions of the Missouri Academy of Science**, St. Louis, v. 5, p. 26-38, 1971.
- DUNN, D. B. Cytotaxonomy and distribution of the New World lupin species. In: INTERNATIONAL LUPIN CONFERENCE, 3., 1984, La Rochelle. **Proceedings...** La Rochelle: International Lupin Association, 1984. p. 68-85.
- EDWARDS, A. C.; BARNEWELD, R. J. Lupins for livestock and fish. In: GLADSTONES, J. S.; ATKINS, C. A.; HAMBLIN, J. (Ed.). **Lupins as crop plants: biology, production and utilization**. Cambridge: CAB International, 1998. p. 67-92.
- ERBAS, M.; CERTEL, M.; USLU, M. K. Some chemical properties of white lupin seeds (*L. albus* L.). **Food Chemistry**, London, v. 89, p. 341-345, 2005.
- FALUYI, M. A.; ZHOU, X. M.; ZHANG, F.; LEIBOVITCH, S.; MIGNER, P.; SMITH, D.L. Seed quality of sweet lupin (*Lupinus albus*) and management practice in eastern Canada. **European Journal of Agronomy**, London, v. 13, p. 7-37, 2000.
- FAO. Faostat agriculture, 2001. Disponível em: <<http://apps.fao.org/page/collections>>. Acesso em: 18 mar. 2006.
- FAO. Faostat database, 2005. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 28 mar. 2006.
- FEDOROV, A. N.A. **Chromosome numbers of flowering plants**. Leningrad: Academy of Sciences of the USSR, 1969. 926 p.
- FRANCKI, M. G.; MULLAN, D. J. Application of comparative genomics to narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) using sequence information from soybean and *Arabidopsis*. **Genome**, Ottawa, v. 47, p. 623-632, 2004.
- GAMMAR, Z. G.; PUECH, S.; ZOUAGHI, M. Flow cytometry DNA assay of Mediterranean lupins. **Candollea**, Chambesey, v. 54, p. 45-56, 1999.

GLADSTONES, J. S. Distribution, origin, taxonomy, history and importance. In: GLADSTONES, J. S.; ATKINS, C. A.; HAMBLIN, J. (Ed.). **Lupins as crop plants: biology, production and utilization**. Cambridge: CAB International, 1998. p. 1-40.

GLADSTONES, J. S. Lupinus as crop plants. **Field Crop Abstracts**, Wallingford, v. 23, p. 123-148, 1970.

GOLDBLATT, P. Cytology and the phylogeny of the Leguminosae. In: POLHILL, R. M.; RAVEN, P. M. (Ed.). **Advances in legume systematics**. Kew: Kew Botanic Gardens, 1981. p. 427-463.

GROSS, R. Lupins in the Old and New World – a biological cultural coevolution. In: INTERNATIONAL LUPIN CONFERENCE, 4., 1986, Geraldton. **Proceedings**. Geraldton: International Lupin Association, 1986. p. 244-277.

HAMBLIN, J. Preface. In: GLADSTONES, J. S.; ATKINS, C. A.; HAMBLIN, J. (Ed.). **Lupins as crop plants: biology, production and utilization**. Cambridge: CAB International, 1998. p. xi-xiii.

HARDY, A.; HUYGHE, C.; PAPINEAU, J. Dry matter accumulation and partitioning, and seed yield in indeterminate Andean lupin (*Lupinus mutabilis* Sweet). **Australian Journal Agricultural Research**, Collingwood, v. 48, p. 91-101, 1997.

HILL, G. D. Lupins. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. (Ed.). **Evolution of crop plants**. Harlow: Longman, 1995. p. 277-282.

HOVELAND, C. S.; TOWNSEND, C. E. Other legumes. In: HEATH, M. E.; BARNES, R. F.; METCALFE, D. S. (Ed.). **Forages**. Ames: Iowa State University Press, 1985. p. 146-153.

HUGHES, C. E.; EASTWOOD, R. Island radiation on a continental scale: exceptional rates of plant diversification after uplift of the Andes. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 103, p. 10334-10339, 2006.

INDEX TO PLANT CHROMOSOME NUMBERS. Disponível em: <<http://mobot.mobot.org/W3T/Search/ipcn.html>>. Acesso em: 15 mar. 2006.

KACZMAREK, A.; NAGANOWSKA, B.; WOLKO, B. PRINS and C-PRINS: promising tools for the physical mapping of the lupin genome. **Cellular & Molecular Biology Letters**, Wroclaw, v. 11, p. 16-24, 2006.

KASPRZAK, A.; SAFAR, J.; JANDA, J.; DOLEZEL, J.; WOLKO, B.; NAGANOWSKA, B. The bacterial artificial chromosome (BAC) library of the narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.). **Cellular & Molecular Biology Letters**, Wroclaw, v. 11, p. 396-407, 2006.

KÄSS, E.; WINK, M. Molecular phylogeny and phylogeography of *Lupinus* (Leguminosae) inferred from nucleotide sequences of the *rbcl* gene and ITS 1+2 regions of rDNA. **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 208, p. 139-167, 1997.

LEWIS, W. H. Biosystematics and Medicine. In: GRANT, W. F. (Ed.). **Plant biosystematics**. New York: Academic Press, 1983. p. 560-578.

MABBERLEY, D. J. **The plant-book**. Cambridge: Cambridge University Press, 1997. 858 p.

MACIEL, H. S.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T. First chromosome number determinations, in south-eastern South American species of *Lupinus* L. (Leguminosae). **Botanical Journal of the Linnean Society**, London, v. 139, p. 395-400, 2002.

MAKRI, E.; PAPALAMPROU, E.; DOXASTAKS, G. Study of functional properties of seed storage proteins from indigenous European legume crops (lupin, pea, broad bean) in admixture with polysaccharides. **Food Hydrocolloids**, Oxford, v. 19, p. 583-594, 2005.

MALHEIROS, N. Elementos para o estudo citológico do gênero *Lupinus*. **Agronomia Lusitana**, Oeiras, v. 4, p. 231-236, 1942.

MICHAEL, J. P. Indolizidine and quinolizidine alkaloids. **Natural Product Reports**, Cambridge, v. 20, p. 458-475, 2003.

- MOLVIG, L.; TABE, L. M.; EGGUM, B. O.; MOORE, A. E.; CRAIG, S.; SPENCER, D.; HIGGINS, T. J. V. Enhanced methionine levels and increased nutritive value of seeds of transgenic lupins (*Lupinus angustifolius* L.) expressing a sunflower seed albumin gene. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 94, p. 8.393-8.398, 1997.
- MONTEIRO, R. Distribuição e aspectos evolutivos do gênero *Lupinus* L. (Leguminosae, Papilionoideae). **Napea**, São Paulo, v. 2, p. 11-18, 1987.
- MONTEIRO, R.; GIBBS, P. E. A taxonomic revision of the unifoliolate species of *Lupinus* L. (Leguminosae) in Brazil. **Notes of the Royal Botanic Gardens of Edinburgh**, Edinburgh, v. 44, p. 71-104, 1986.
- NAGANOWSKA, B.; DOLEZEL, J.; SWIECICKI, W. K. Development of molecular cytogenetics and physical mapping of ribosomal RNA genes in *Lupinus*. **Biologia Plantarum**, Dordrecht, v. 46, p. 211-215, 2003b.
- NAGANOWSKA, B.; WOLKO, B.; SLIWINSKA, E.; KACZMAREK, Z. Nuclear DNA content variation and species relationships in the genus *Lupinus* (Fabaceae). **Annals of Botany**, Oxford, v. 92, p. 349-355, 2003a.
- NAGANOWSKA, B.; WOLKO, B.; SLIWINSKA, E.; KACZMARCK, Z.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T. 2C DNA variation and relationships among New World species of the genus *Lupinus* (Fabaceae). **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 256, p. 147-157, 2006.
- NAGANOWSKA, B.; ZIELINSKA, A. Physical mapping of 18S-25S rDNA and rRNA in *Lupinus* via fluorescent *in situ* hybridization. **Cellular & Molecular Biology Letters**, Wroclaw, v. 7, p. 665-670, 2002.
- PAZY, B.; HEYN, C. C.; HERRNSTADT, I.; PLITTMANN, U. Studies in populations of the Old World *Lupinus* species. I. Chromosomes of the East-Mediterranean lupines. **Israel Journal of Botany**, Telaviv, v. 26, p. 115-127, 1977.
- PETTERSON, D. S. Composition and food uses of lupins. In: GLADSTONES, J. S.; ATKINS, C. A.; HAMBLIN, J. (Ed.). **Lupins as crop plants: biology, production and utilization**. Cambridge: CAB International, 1998. p. 353-384.
- PIGEAIRE, A.; ABERNETHY, D.; SMITH, P. M.; IMPSON, K.; FLETCHER, N.; LU, C. Y.; ATKINS, C. A.; CORNISH, E. Transformations of a grain legumes (*Lupinus angustifolius* L.) via *Agrobacterium-tumefaciens*-mediated gene transfer to shoot apices. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 3, p. 341-349, 1997.
- PINHEIRO, M.; MIOTTO, S. T. S. Flora ilustrada do Rio Grande do Sul. **Boletim do Instituto de Biociências**, Porto Alegre, v. 60, p. 1-100, 2001.
- PLANCHUELLO, A. M.; DUNN, D. B. The simple leaved lupines and their relatives in Argentina. **Annals of the Missouri Botanic Garden**, St. Louis, v. 71, p. 92-103, 1984.
- PLANCHUELO, A. M.; DUNN, D. B. Two new species of the *Lupinus lanatus* complex. **Annals of the Missouri Botanic Garden**, St. Louis, v. 70, p. 303-309, 1989.
- PLANCHUELO, A. M. *Lupinus*. In: CORREA, M. N. (Ed.). **Flora patagonica**. Buenos Aires: INTA, 1984. p. 238-244.
- PLANCHUELO-RAVELLO, A. M. Taxonomic studies of *Lupinus* in South America. In: INTERNATIONAL LUPIN CONFERENCE, 3., 1984. La Rochelle. **Proceedings**. La Rochelle: International Lupin Association, 1984. p. 39-54.
- PLITTMANN, U. Evolutionary history of the Old World lupines. **Taxon**, Vienna, v. 30, p. 430-437, 1981.
- PRZYBYLSKA, J.; ZIMNIAK-PRZYBYLSKA, Z. Electrophoretic patterns of seed globulins in the Old World *Lupinus* species. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Wageningen, v. 42, p. 69-75, 1995.

READER, M. A.; DRACUP, M.; ATKINS, C. A. Transient high temperatures during seed growth in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) I. High temperatures reduce seed weight. **Australian Journal Agricultural Research**, Collingwood, v. 48, p. 1.169-1.178, 1997.

REINHARD, H.; RUPP, H.; SAGER, F.; STREULE, M.; ZOLLER, O. Quinolizidine alkaloids and phomopsins in lupin seeds and lupin containing food. **Journal of Chromatography**, Amsterdam, v. 1.112, p. 353-360, 2006.

RIGGINS, R.; SHOLARS, T. *Lupinus*. In: HICKMAN, J. C. (Ed.). **The Jepson manual: higher plants of California**. Berkeley: University of California, 1993. p. 622-636.

SALMANOWICZ, B. P.; PRZYBYLSKA, J. Electrophoretic patterns of seed albumins in the Old World *Lupinus* species (Fabaceae): variation in the 2S albumin class. **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 192, p. 67-78, 1994.

SÁNCHEZ, M. C.; ALTARES, P.; PEDROSA, M. M.; BURBANO, C.; CUADRADO, C.; GOYOAGA, C.; MUZQUIZ, M.; JIMÉNEZ-MARTÍNEZ, C.; DÁVILA-ORTIZ, G. Alkaloid variation during germination in different lupin species. **Food Chemistry**, London, v. 90, p. 347-358, 2005.

SINHA, A.; CALIGARI, P. D. S. Enhanced protoplast division by encapsulation on droplets: an advance towards somatic hybridization in recalcitrant white lupin. **Annals of Applied Biology**, Warwick, v. 146, p. 441-448, 2005

STRÓZYCKI, P. M.; LEGOCKI, A. B. Leghemoglobins from an evolutionarily old legume, *Lupinus luteus*. **Plant Science**, Limerick, v. 110, p. 83-93, 1995

STRUBBE, K.; OOSTVELDT, P. van; BROEKAERT, D.; VAN PARIJS, R. A high amount of satellite DNA in the genome of *Lupinus angustifolius* L. **Planta**, Heidelberg, v. 155, p. 238-243, 1982.

SUJAK, A.; KOTLARZ, A.; STROBEL, W. Compositional and nutritional evaluation of several lupin seeds. **Food Chemistry**, London, v. 98, p. 711-719, 2006.

TALHINHAS, P.; NEVES-MARTINS, L.; LEITÃO, J. AFLP, ISSR and RAPD markers reveal high levels of genetic diversity among *Lupinus* spp. **Plant Breeding**, Berlin, v. 122, p. 507-510, 2003.

VAN WYK, B. E.; GREINWALD, R.; WITTE, L. Alkaloid variation in the *Lupinus pusillus* group (Fabaceae: tribe Genisteeae). **Biochemical Systematics and Ecology**, Kidlington, v. 23, p. 533-537, 1995.

WINK, M.; MEIBNER, C.; WITTE, L. Patterns of quinolizidine alkaloids in 56 species of the genus *Lupinus*. **Phytochemistry**, Kidlington, v. 38, p. 139-153, 1995.

WOLKO, B. Molecular markers in genetic studies of genus *Lupinus*. **Hodowla Roslin Aklimatyzacja i Nasiennictwo**, Poznan, v. 39, p. 3-64, 1995.

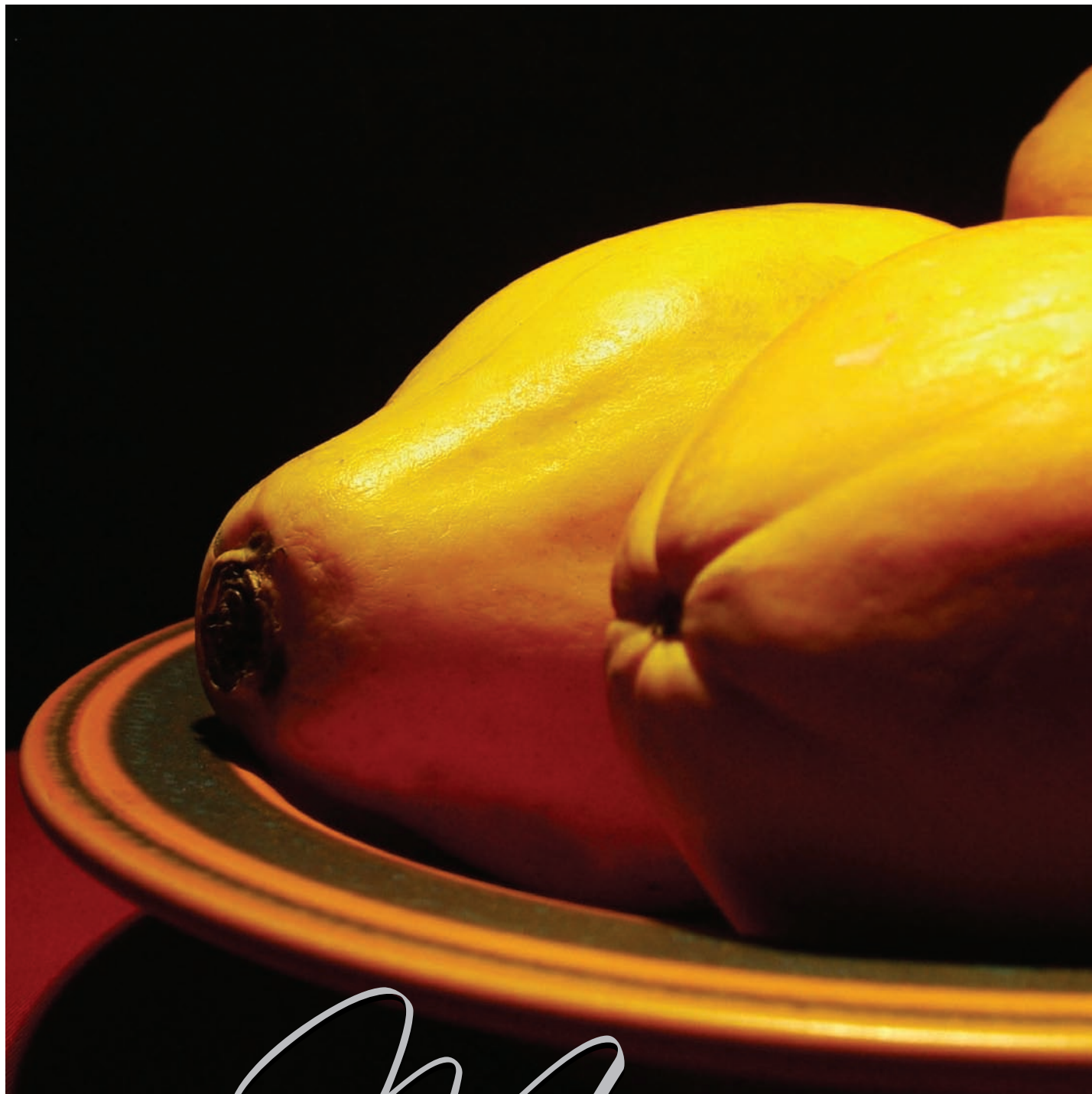
WOLKO, B.; WEEDEN, N. F. Isozyme number as an indicator of phylogeny in *Lupinus*. **Genetica Polonica**, Poznan, v. 31, p. 179-187, 1990a.

WOLKO, B.; WEEDEN, N. F. Relationships among lupin species as reflected by isozyme phenotype. **Genetica Polonica**, Poznan, v. 31, p. 189-197, 1990b.

YANG, H.; SHANKAR, M.; BUIRCHELL, B.; SWEETINGHAM, M.; CAMINERO, C.; SMITH, P. Development of molecular markers using MFLP linked to a gene conferring resistance to *Diaporthe toxica* in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 105, p. 265-270, 2002.

ZIMNIAK-PRZYBYLSKA, Z.; PRZYBYLSKA, J. Electrophoretic seed globulin patterns in some New World *Lupinus* species. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Wageningen, v. 44, p. 57-62, 1997.

ZOHARY, D.; HOPF, M. **Domestication of plants in the old world**. Oxford: Oxford University Press, 2000. 316 p.



Mamão

Delícia centro-americana

Foto: Valder Valeirão



Mamão

Ana Lúcia Cunha Dornelles

O mamão (*Carica papaya* L.) é, sem dúvida, a espécie de maior importância econômica da família Caricaceae, e é bastante cultivado em regiões tropicais. Conforme dados da FAO (FAO, 2006), em 2005 o Brasil foi o segundo maior produtor mundial, superado apenas por Belize. De acordo com o IBGE (2006), a Bahia foi o estado com maior produção de mamão em 2004 (723.907 t), e o Espírito Santo foi o segundo produtor (650.678 t). Esses dois estados foram os responsáveis por mais de 80 % da produção nacional. O crescimento da produção de mamão no Brasil nas últimas décadas tem sido acompanhado não só por um aumento importante do consumo interno, como também por um incremento considerável da exportação.

O principal produto do mamoeiro é o fruto de aspecto bastante variável, de formato redondo a alongado ou piriforme, com polpa cujo tom varia do amarelo ao vermelho-alaranjado. O tamanho, por sua vez, é bastante diversificado, de forma que podem ser encontrados, no

mercado, frutos com peso inferior a 500 g, enquanto outros podem chegar a pesar mais de 3 kg (FERRÃO, 1993; CTENAS et al., 2000; SILVA, 2001). Porém, além de seus frutos – que são consumidos principalmente frescos – e de seus produtos industrializados (néctar, polpa desidratada, purê, compotas), outro produto do mamoeiro, a papaína, possui bastante importância. Destaca-se por ser uma enzima com grande atividade proteolítica, encontrada em praticamente todas as partes da planta – com exceção de nas raízes – e, principalmente, nos frutos verdes, nos quais ocorre em maior quantidade (FERRÃO, 1993; VAUGHAN; GEISLER, 1997). Em escala doméstica, é conhecida a prática de envolver pedaços de carne com folhas de mamoeiro para amaciá-la. Em países como Sri Lanka, Tanzânia e Uganda, o mamão verde é produzido em grande escala para a extração de papaína purificada, que é utilizada pela indústria alimentícia em alimentos pré-cozidos, queijos, gomas de mascar, alimentos infantis e para amaciamento de carnes. Na indústria farmacêutica, é usado principalmente no tratamento do aparelho digestivo, na cicatrização de feridas e como vermífugo (MANICA, 1982; SILVA, 2001).

De acordo com Ferrão (1993), o termo mamão, usado principalmente para designar os frutos arredondados de *C. papaya*, é originado de *mama* por possuir uma forma semelhante aos seios da mulher branca, enquanto os frutos alongados são denominados papaia. Porém, segundo esse mesmo autor, em outras regiões, principalmente nos países africanos, essas denominações são invertidas, tendo-se em vista que os seios da mulher rural africana são alongados pela amamentação. Porém, o que se observa no Brasil é que a denominação papaia passou a ser utilizada para designar os frutos alongados menores (típico das cultivares do grupo Solo), lançados comercialmente a partir da década de 1970, originados do Havaí (EUA) e introduzidos inicialmente na Região Amazônica (daí a denominação mamão-do-pará).

A família Caricaceae é constituída de seis gêneros, formados por plantas herbáceas, arbustivas ou arborescentes. O gênero

Vasconcella, com 21 espécies, é o maior, seguido do gênero *Jacaratia*, com 7 espécies, ambos originários predominantemente da América do Sul. Os outros gêneros são: *Jarilla*, com três espécies originárias do México e da Guatemala; *Horovitzia*, com uma espécie nativa do México; e *Cylicomorpha* (com duas espécies), que é o único gênero cuja origem ocorreu fora do continente americano – na África Equatorial (DROOGENBROECK et al., 2002).

A espécie *C. papaya* é a única do gênero *Carica* desde a revisão realizada por Badillo (2000), o qual reabilitou o gênero *Vasconcella* Saint-Hilaire, anteriormente considerado uma seção do gênero *Carica*.

Em análise citológica realizada por Darlington et al. (1945), citados por Aradhya et al. (1999) e confirmada por Magdalita et al. (1997), todos os membros da família Caricaceae são diplóides ($2n=2x=18$) e dióicos, com exceção de algumas espécies do gênero *Vasconcella* e de *C. papaya*, que, segundo Storey (1976), ocorre em três formas sexuais básicas: pistilada, estaminada e andromonóica.

Em trabalho envolvendo híbridos intergenéricos de *Carica* e *Vasconcella*, Droogenbroeck et al. (2005) demonstraram que, como a maioria das angiospermas, esses gêneros apresentam herança materna das organelas citoplasmáticas, o que viabiliza a realização não só de estudos filogenéticos a partir do DNA dessas organelas, mas também trabalhos de melhoramento genético em características codificadas por genes mitocondriais ou de cloroplastos.

A forma silvestre de *C. papaya* – cuja origem se atribui a uma espécie de frutos pequenos, em regiões de terras baixas entre o México e o Panamá – possui distribuição na América Central, e diversos autores defendem que um processo de domesticação tenha ocorrido totalmente nessa região (STOREY, 1976; MANSCHARDT, 1992; ARADHYA et al., 1999). A distribuição para o resto do Caribe e o sudeste asiático, e, em seguida, para a Índia, o Pacífico e a

África, ocorreu, segundo Villegas (1997), durante a exploração espanhola a partir do século 16.

Segundo relatos de Ctenas et al. (2000), a introdução do mamoeiro no Brasil aconteceu na costa nordestina, por intermédio dos portugueses, no final do século 16, de onde estes o difundiram pela África e, juntamente com os espanhóis, pela Índia.

Na década de 1970, a cultura do mamoeiro no Brasil, bastante restrita a pomares domésticos e a pequenas propriedades, sofreu um impacto marcante pela introdução das variedades do grupo Solo, originadas do Havaí (EUA), com frutos pequenos, de sabor mais doce e com polpas mais alaranjadas, diferentes dos frutos amarelos e de sabor insípido, pouco apreciados. Essa introdução ocorreu inicialmente no Estado do Pará, e esses frutos tornaram-se conhecidos rapidamente em todo o País como papaia, mamão-papaia, mamão-do-amazonas, mamão-do-pará ou mamãozinho. Durante os últimos 30 anos, a produção de mamão no Brasil cresceu consideravelmente, como já foi mencionado.

Estudos filogenéticos, envolvendo caracteres morfológicos (BADILLO, 1971, 1993, 2000) e moleculares (ARADHYA et al., 1999; OLSON, 2002; KYNDT et al., 2005), demonstram que o gênero *Cylicomorpha*, o único nativo da África tropical, é o mais primitivo da família, ocorrendo exclusivamente em ambientes úmidos. Porém, em relação aos demais gêneros, segundo Kyndt et al. (2005), os resultados com marcadores morfológicos discordam dos obtidos com marcadores moleculares. Enquanto a hipótese de Badillo (1971, 1993) estabelece que os gêneros *Jarilla*, *Carica* e *Vasconcella* são originados do gênero *Jacaratia*, os trabalhos com marcadores moleculares (ARADHYA et al., 1999; OLSON, 2002; KYNDT et al., 2005), concluíram que *Jacaratia* pode ter um ascendente comum com *Vasconcella*, mas não com *Carica*.

A hipótese mais aceita atualmente é a de que os progenitores dos gêneros centro-americanos (*Carica* e *Jarilla*)

devem ter divergido bastante cedo dos gêneros sul-americanos (*Vasconcella* e *Jacaratia*), bem antes da formação do Istmo do Panamá, há 3 milhões de anos (ARADHYA et al., 1999; DROOGENBROECK et al., 2002; KYNDT et al., 2005).

Uma possibilidade, segundo Aradhya et al. (1999), seria a chegada dos progenitores desses gêneros à América Central via dispersão, por meio de uma cadeia de ilhas entre os continentes, e a posterior evolução de forma isolada dos demais membros da família Caricaceae. De acordo com esse mesmo autor, baseado em dados biogeográficos, esses eventos podem ter ocorrido durante o final do período Cretáceo e início do Terciário (entre 70 e 60 milhões de anos atrás), ou no final do Mioceno (cerca de 10 milhões de anos atrás), períodos em que foram documentados movimentos de outras espécies de animais e de plantas entre as Américas do Sul e do Norte.

Além do mamão, o babaco (*Vasconcella x heilbornii* Badillo), da mesma família, é cultivado em algumas regiões subtropicais. Originário de regiões de maior altitude do Equador e da Colômbia, apresenta como grande vantagem a produção de frutos sem sementes, é estéril e propagado exclusivamente de forma vegetativa, fatos que se devem a sua origem híbrida (KEMPLER; KABALUK, 1996). Badillo (1993), tomando como princípio dados de morfologia, e Jobin-Décor et al. (1997), com base em isoenzimas e em marcadores moleculares do tipo Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD), concluíram que o babaco é um híbrido entre as espécies *V. stipulata* (Badillo) Badillo e *V. cundinamarcensis* Badillo. Porém, essa ascendência não foi confirmada por estudos realizados com marcadores de DNA de cloroplastos (ARADHYA et al., 1999; DROOGENBROECK et al., 2004).

Outros mamoeiros de altitude (*Vasconcella* spp.) possuem importância regional, principalmente nas regiões da América do Sul, de onde são nativos (KEMPLER; KABALUK, 1996; ARADHYA et al., 1999).

Apesar de atualmente já estar confirmada uma distância filogenética significativa entre os gêneros *Carica* e *Vasconcella* (JOBIN-DECOR et al., 1997; ARADHYA et al., 1999; DROOGENBROECK et al., 2004; KYNDT et al. 2005), diversos programas de melhoramento genético de mamoeiro utilizam cruzamentos entre *C. papaya* e *Vasconcella* spp. Esses programas têm como objetivo incorporar aos genótipos superiores de mamão características importantes, para as quais, nessa espécie, não existe variabilidade. Uma dessas características é a resistência a moléstias, tais como a causada pelo Vírus da Mancha Anelar do Mamoeiro (PRSV) (MANSHARDT; WENSLAFF, 1989; MAGDALITA et al., 1997; VEGAS et al., 2003).

Referências

- ARADHYA, M. K.; MANSHARDT, R. M.; ZEE, F. MORDEN, C. W. A phylogenetic analysis of the genus *Carica* L. (Caricaceae) based on restriction fragment length variation in a cpDNA intergenic spacer region. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 46, p. 579-586, 1999.
- BADILLO, V. M. *Carica* L. vs. *Vasconcella* St. Hil.(Caricaceae): con la rehabilitación de este último. **Ernstia**, Maracay, v. 10, p. 74-79, 2000.
- BADILLO, V. M. Caricaceae. Segundo Esquema. **Revista de la Facultad Agronomía Universidad Central de Venezuela**, Maracay, v. 43, p. 1-111, 1993.
- BADILLO, V. M. **Monografía de la familia Caricaceae**. Maracay: Asociación de Profesores, 1971. 221 p.
- CTENAS, M. L. B.; CTENAS, A. C.; QUAIST, D. **Frutas das terras brasileiras**. São Paulo: C2 Editora, 2000. 157 p.
- DROOGENBROECK, B.van; BREYNE, P.; GOETGHEBEUR, P.; ROMEIJN-PEETERS, E.; KYNDT, T.; GHEYSEN, G. AFLP analysis of genetic relationships among papaya and its wild relatives (Caricaceae) from Ecuador. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 105, p. 289-297. 2002.
- DROOGENBROECK, B.van; KYNDT, T.; MAERTENS, I.; ROMEIJN-PEETERS, E.; SCHELDEMAN, X.; ROMERO-MOTOCHI, J. P.; VAN DAMME, P.; GOETGHEBEUR, P.; GHEYSEN, G. Phylogenetic analysis of the highland papayas (*Vasconcellea*) and allied genera (Caricaceae) using PCR-RFLP. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 108, p. 1.473-1.486. 2004.
- DROOGENBROECK, B.van; MAERTENS, I.; HAEGEMAN, A.; KYNDT, T.; O'BRIEN, C.; DREW, R. A.; GHEYSEN, G. Maternal inheritance of cytoplasmic organelles in intergeneric hybrids of *Carica papaya* L. and *Vasconcellea* spp (Caricaceae Dumort., Brassicales). **Euphytica**, Wageningen, v. 143, p. 161-168. 2005.
- FAO. Faostat data. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/faostat/form?collection=Production.Crops.Primary&Domain=Production&servlet=1&hasbulk=0&version=ext&language=EM>>. Acesso em: 29 jun. 2006.

FERRÃO, J. E. M. **A aventura das plantas e os descobrimentos portugueses**. Lisboa: Instituto de Investigação Científica Tropical, 1993. 241 p.

IBGE. **SIDRA**. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/protabl.asp?z=t&o=10&i=P>>. Acesso em: 29 jun. 2006.

JOBIN-DECOR, M. P.; GRAHAM, G. C.; HENRY, R. J.; DREW, R. A. RAPD and isozyme analysis of genetic relationships between *Carica papaya* and wild relatives. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 44, p. 471-477, 1997.

KEMPLER, C.; KABALUK, T. Babaco (*Carica pentagona* Heilb.): a possible crop for the greenhouse. **HortScience**, Alexandria, v. 31, p. 785-788, 1996.

KYNDT, T.; DROOGENBROECK, B. van; ROMEIJN-PEETERS, E.; ROMERO-MOTOCHI, J. P.; SCHELDEMAN, X.; GOETGHEBEUR, P.; VAN DAMME, P.; GHEYSEN, G. Molecular phylogeny and evolution of Caricaceae based on rDNA internal transcribed spacers and chloroplast sequence data. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, Chicago, v. 37, p. 442-459. 2005.

MAGDALITA, P. M.; DREW, R. A.; ADTIKINS, S. W.; GODWIN, I. D. Morphological, molecular and cytological analyses of *Carica papaya* x *C. cauliflora* interespecific hybrids. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 95, p. 224-229, 1997.

MANICA, I. **Fruticultura Tropical 3: Mamão**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1982. 256 p.

MANSHARDT, R. M. Papaya. In: HAMMERSCHLAG, F. A.; LITZ, R. E. (Ed.). **Biotechnology of perennial fruit crops**. Wallingford: CAB, 1992. p. 489-511.

MANSHARDT, R. M.; WENSLAFF, T. F. Interespecific hybridization of papaya with other *Carica* species. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 114, p. 689-694, 1989.

OLSON, M. E. Intergeneric relationships within the Caricaceae-Moringaceae clade (Brassicales) and potential morphological synapomorphies of the clade and its families. **International Journal of Plant Sciences**, Chicago, v. 163, p. 51-65, 2002.

SILVA, S. **Frutas no Brasil**. São Paulo: Empresa das Artes, 2001. 230 p.

STOREY, W. B. Papaya, *Carica papaya*. In: SIMMONDS, N. W. (Ed.). **Evolution of crop plants**. London: Longman, 1976. p. 21-24.

VAUGHAN, J. G.; GEISSLER, C. **The Oxford book of food plants**. New York: Oxford University Press, 1997. 239 p.

VEGAS, A.; TRUJILLO, G.; SANDREA, Y.; MATA, J. Obtención, regeneración y evaluación de híbridos intergenéricos entre *Carica papaya* y *Vasconcellea cauliflora*. **INCI**, Caracas, v. 28, n. 12, p. 710-714, 2003. Disponível em: <http://www.scielo.org.ve/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0378-18442003001200008 &lng=es&nrm=iso>. Acesso em: 29 jun. 2006.

VILLEGAS, V. N. *Carica papaya* L. In: VERHEIJ, E. W. M.; CORONEL, R. E. (Ed.). **Edible fruits and nuts**. Wageningen: Pudoc, 1997. v. 2. p. 108-111.



Mimosa

O redescobrimento

Foto: Rosa Lía Barbieri





Douglas André Mallmann Schmidt
Luciano Carlos da Maia
José Antônio Gonzalez da Silva

A mamona (*Ricinus communis* L.) é uma planta oleaginosa, cuja particularidade é o fato de não possuir óleo comestível e de produzir o único lipídio natural solúvel em álcool (FREIRE, 2001). Os principais países produtores de mamona são a Índia, a China e o Brasil, com produções anuais de 870, 270 e 180 mil toneladas, respectivamente. Esses três países representam mais de 90 % da produção mundial de mamona, que, em 2005, alcançou 1,4 milhão de toneladas (Fig. 1). Essa reduzida expressão da mamona no cenário mundial pode ser explicada por dois fatores principais: produção de óleo não comestível para humanos e animais, e presença de ricina, uma proteína altamente tóxica que impossibilita a utilização de subprodutos protéicos oriundos da espécie (ROJAS-BARROS et al., 2004).

Em relação à origem da mamona, não há um consenso entre a comunidade científica. Diante de um maior número de evidências, é possível que a espécie seja originária do continente africano. Contudo, por apresentar um centro de diversidade secundário, existe a hipótese de que a

mamona seja originária da Ásia. É considerada uma planta heliófila, ou seja, necessita de exposição solar para completar o seu ciclo vital, e apresenta variabilidade para xerofitismo (plantas que expressam paredes celulares com adaptações funcionais contra a falta de água). A completa presença dessa característica confere à mamona capacidade de adaptação a ambientes quentes e secos, e sua ausência parcial determina adaptação a temperaturas amenas e regiões úmidas. Esses fatores, associados à elevada taxa de fecundação cruzada (10 % a 40 %), favorecem níveis significativos de fluxo gênico, possibilitando o contínuo ajuste das frequências gênicas e genótípicas das populações a ambientes distintos. Dessa forma, a espécie se desenvolve amplamente em países temperados, tropicais e subtropicais (latitudes variando de 40°N até 40°S), desde ambientes semi-áridos, como regiões não litorâneas do Nordeste brasileiro, até regiões úmidas e frias da Cordilheira dos Andes.

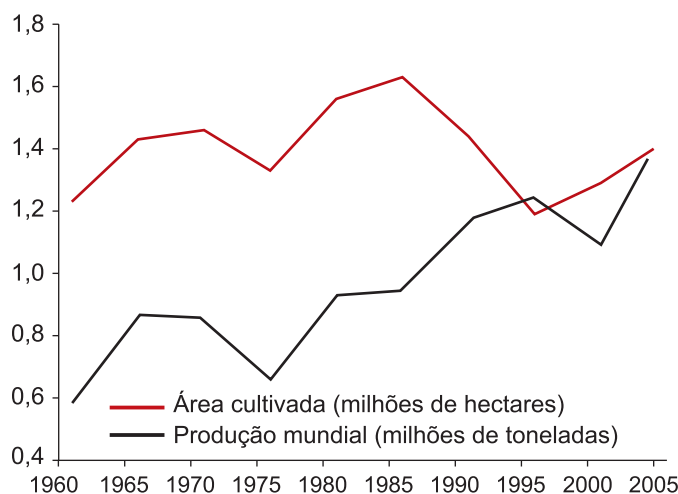


Fig. 1. Evolução agrícola da mamona considerando-se a área cultivada e a produção mundial.
Fonte: FAO (2006).

O grão, produto de valor econômico da mamona, é constituído, em média, de 75 % de amêndoa e de 25 % de casca. A composição química do grão varia de acordo com a constituição genética e o ambiente onde é produzido. O teor de óleo nos grãos situa-se entre 35 % e 55 %, sendo adotados 44 % como padrão comercial (COSTA et al., 2004). As formas de utilização do óleo são inúmeras, com

destaque para produção de lubrificantes, que são de excelente desempenho em condições extremas de temperatura e pressão, representando grande importância para o setor industrial (SINGH, 1986). O óleo também pode ser utilizado na fabricação de: tintas, isolantes, anilinas, desinfetantes, germicidas, colas, aderentes, tintas de impressão, vernizes e matéria plástica. Além disso, pode ser usado como base para fungicidas e inseticidas, na manufatura de cosméticos e de muitos tipos de drogas farmacêuticas. Contudo, a demanda desses produtos está praticamente estável no mercado desde as duas últimas décadas.

Por sua vez, a produção de biodiesel a partir do óleo de mamona parece demonstrar reais possibilidades de fomento às produções brasileira e mundial da oleaginosa. Essa oportunidade vem sendo alicerçada pela crescente preocupação social e econômica de vários países com suas matrizes energéticas, que, atualmente, são sustentadas por fontes não renováveis, como o petróleo, por exemplo. Em razão disso, fontes renováveis e mais baratas de energia têm sido estudadas, entre as quais o biodiesel de mamona representa uma das alternativas mais interessantes para o Brasil. A pesquisa no País, representada principalmente por empresas públicas, como a Petrobras e a Embrapa, vem disponibilizando incentivos ao uso da mamona, no intuito de viabilizar o desenvolvimento de técnicas de produção e processamento, para tornar o biodiesel uma fonte viável de energia. Além disso, as pesquisas visam possibilitar o crescimento e o acúmulo do conhecimento técnico-científico da espécie na área agrônoma, com reflexos no desenvolvimento econômico e social dos produtores rurais.

A torta e o farelo, produtos das extrações mecânica e química do óleo de mamona, apresentam elevadas concentrações protéicas; entretanto, por possuírem proteínas tóxicas, não podem ser destinados à formulação de rações para alimentação animal. Apesar de os estudos para destoxificação da torta de mamona terem sido iniciados há um século, por Osborne, em 1905, não foram obtidos até agora métodos que tenham

aplicabilidade industrial, em virtude do alto custo econômico e/ou da perda da qualidade do produto após a destoxificação. Dessa forma, a torta e o farelo de mamona são comumente utilizados como fertilizantes, ocasionando desvalorização comercial.

Taxonomia

A mamona é uma espécie diplóide ($2n=2x=20$) e pertence à família Euphorbiaceae. O gênero *Ricinus* é monoespecífico (gênero representado por somente uma espécie), e a espécie *Ricinus communis* é dividida em quatro subespécies: *persicus*, *chinensis*, *africanus* e *zanzibarinus* (SINGH, 1986). A primeira é considerada mais produtiva e não apresenta carúncula (saliência mamilar no ponto em que as sementes se aderem à placenta); *R. chinensis* apresenta uma carúncula pequena e as demais evidenciam carúncula grande. Todas as formas das subespécies são diplóides, com $2n=2x=20$ cromossomos, e englobam 25 variedades botânicas, as quais, quando cruzadas entre si, produzem sementes híbridas férteis.

A espécie *Ricinus communis* possui várias denominações. Os sinônimos populares mais utilizados em diversos países são: palma-christi, palma-de-cristo, mamona, mamoneira, carrapateira, bafureira e figueira-do-inferno (Brasil); mbacibó (Uruguai); tartago e castor (Paraguai); tartago (Argentina e Venezuela); higuera (México); higuereito (Cuba); palma-christi, castor-oil e castorbean (Estados Unidos e Inglaterra); Wunderbaum (Alemanha); ricínio (Itália); kiki (Egito); kerna e kerroa (Grécia); e charna (Arábia) (RODRIGUES et al., 2002).

Centro de origem e domesticação

A mamona originou-se possivelmente no continente africano (centro de diversidade primário), mais pre-

cisamente entre os paralelos 5º e 15º de latitude Sul da antiga Abissínia, atual Etiópia. Pelo fato de apresentar um centro de diversidade secundário, alguns pesquisadores acreditam que a espécie pode ser originária da Ásia. Em seus estudos, Vavilov conclui que o centro de diversidade primário era a Etiópia; entretanto, reconheceu a existência de um segundo centro de diversidade, localizado no Crescente Fértil (SINGH, 1986). Da mesma forma que Vavilov, De Candole concluiu ser a África o centro de origem da mamona (ALONSO, 1998). Assim, o maior número de evidências encontradas, no que diz respeito ao centro de origem de *Ricinus communis*, apontam para a Etiópia, no continente africano.

A grande adaptabilidade da mamona às condições variadas de ambiente proporcionou o desenvolvimento de centros distintos de diversidade. Esse fato parece ter contribuído para que fosse instituída uma convenção que determinasse a classificação de *Ricinus communis* em quatro subespécies, de acordo com a região onde os centros de diversidade fossem encontrados. Portanto, a subespécie *R. communis* ssp. *africanus* é assim denominada de acordo com a localização de seu centro de diversidade, ou seja, a Etiópia; da mesma forma, *R. communis* ssp. *persicus* e *R. communis* ssp. *chinensis* são denominadas a partir de seus centros de diversidade, que são, respectivamente, o Crescente Fértil e a China.

Como mencionado anteriormente, De Candole determinou que a mamona é originária da África, pelo fato de ser cultivada desde tempos remotos e apresentar grande variedade de usos pelos habitantes da região. Assim, sementes dessa espécie foram encontradas em urnas funerárias de múmias, principalmente de sacerdotes egípcios, datadas por volta de 4000 a.C. Esse fato é prova da antigüidade da mamona e da veneração desses povos pela planta, os quais provavelmente lhe atribuíam algumas propriedades medicinais (ALONSO, 1998).

Segundo Rodrigues et al. (2002), a planta era conhecida pelos gregos como *aporano* e *croton*, enquanto os latinos a

chamavam de *ricinus*. As palavras *aporano*, *croton* e *ricinus* significam, em grego e em latim, respectivamente, “carrapato”, em virtude da semelhança do formato de suas sementes com a forma de um carrapato, animal pertencente ao grupo dos aracnídeos.

Biologia e morfologia da planta

A mamona apresenta grande variabilidade genética quanto a caracteres morfológicos. O fato de a espécie apresentar formas silvestres que se perpetuam espontaneamente, e cultivares modernas que tiveram seus caracteres de interesse agrônomo modificados, permite encontrar variabilidade para diversos caracteres, tais como o hábito de crescimento, cor do caule e das folhas, conteúdo de óleo, frutos com espinhos ou inermes, deiscentes ou indeiscentes, ciclo anual ou semiperene e estatura baixa ou arbórea. As formas morfológicas e botânicas encontradas com maior frequência e consideradas de maior importância estão relatadas neste texto.

A mamona apresenta plantas arbustivas, com estatura variando de 1 m, em cultivares anãs, até 10 m em plantas que se perpetuam espontaneamente, as quais não passaram por seleção artificial (SINGH, 1986). Geralmente apresenta sistema radicular vigoroso, do tipo pivotante, proporcionando boa tolerância à deficiência hídrica. O caule é encortiçado, glabro e fistuloso. Durante o desenvolvimento da parte aérea, após a emissão da inflorescência primária, ocorre a emissão dos ramos laterais, e cada um deles (secundário, terciário, etc.) termina com uma inflorescência. O número de internódios laterais de cada ramo estabelece a estatura de planta e a altura de inserção do racemo primário. O caráter estatura de planta está correlacionado positivamente com o ciclo vegetativo da planta (SAVY FILHO, 1999). A arquitetura ramificada da planta de mamona permite obter bons níveis de

rendimentos; entretanto, a maturação dos racemos é intercalada, o que torna necessário o escalonamento da colheita, exigindo que ela seja feita manualmente. Por sua vez, trabalhos com o melhoramento genético da espécie possibilitaram o desenvolvimento de constituições genéticas com ausência de ramificação lateral, apresentando uma única inflorescência no ápice do meristema. Esse caráter é de grande importância, pois viabiliza o cultivo comercial da mamona em grande escala, pelo fato de proporcionar a obtenção de estandes com maturação uniforme e estatura reduzida, o que possibilita a mecanização da colheita.

As folhas da mamona são alternadas e medem, geralmente, de 15 cm a 30 cm, podendo, em alguns casos, atingir até 60 cm. Apresentam coloração verde ou vermelho-escura, são glabras com nervuras de tom um pouco mais claro. Os pecíolos são longos e atingem 60 cm de comprimento por cerca de 2 cm de diâmetro.

O sistema reprodutivo é considerado do tipo misto, no qual ocorre tanto a autofecundação quanto a fecundação cruzada (SAVY FILHO, 1999). A inflorescência é constituída por uma ráquis, do tipo racemo, e as flores são responsáveis pela produção de grãos, ocupando a parte superior e separada. As flores produtoras de pólen ocupam a parte inferior no mesmo órgão e caracterizam uma espécie de reprodução sexual por alogamia do tipo monóica. Geralmente, a relação entre flores produtoras de grãos e produtoras de pólen é de 30–50 % a 50–70 %, respectivamente (Fig. 2A). Além disso, são encontradas constituições genéticas que apresentam flores hermafroditas ou somente flores pistiladas (100 % de flores femininas), utilizadas para a produção de híbridos (SINGH, 1986).

O processo de polinização ocorre quando as flores masculinas expulsam o pólen pela deiscência das anteras que estouram e arremessam os grãos de pólen, os quais são levados até a inflorescência da estrutura feminina da mesma planta ou de plantas vizinhas. A taxa de fecundação cruzada pode variar de 10 % a 40 %, e é proporcional à

estatura de plantas (SAVY FILHO, 1999). Esses índices também variam pela presença do evento de protoginia (os gametas femininos atingem a maturação cerca de 5 a 10 dias antes dos gametas masculinos).

O fruto da mamona é uma cápsula elipsóide que possui espinhos, podendo ser, em casos raros, inermes (sem espinhos). Geralmente apresenta três sementes separadas por septos, formando uma estrutura trilocular.

A deiscência natural é uma característica altamente indesejável, pelo fato de a cápsula se abrir em sutura com a maturação da planta, liberando os grãos antes mesmo da colheita. A perda ocasionada pela deiscência natural pode ser minimizada com o parcelamento da colheita, a qual é feita de acordo com a maturação dos racemos primários, secundários, etc.

Além disso, em frutos não deiscentes, não ocorre a abertura natural da cápsula. Nesse caso, a separação do grão da carúncula tem de ser realizada por meio de processamento mecânico. A principal vantagem dessa característica nos genótipos ramificados (com várias inflorescências por planta, as quais não apresentam maturação simultânea), em regiões com baixos índices pluviométricos durante a maturação, é possibilitar que a colheita seja efetuada numa única operação.

O grão da mamona é liso, ovóide, geralmente com carúncula, com face dorsal geralmente convexa e face ventral achatada. O tegumento é espesso e duro, apresentando variabilidade de cores e formatos entre as diversas cultivares utilizadas (Fig. 2B).

O ciclo da mamona é anual e casualmente bienal (regiões tropicais). As cultivares anuais apresentam ciclo médio de 150 dias, e as precoces, de 120 a 130 dias. Estas últimas são mais adequadas para a colheita mecânica, pelo fato de apresentarem um ou poucos racemos e homogeneidade na maturação. Além disso, as cultivares de ciclo longo (180–210 dias) são mais ajustadas a regiões tropicais e

apresentam maior tolerância a estresses bióticos e abióticos, e, portanto, são mais recomendadas para produtores que utilizam baixa tecnologia.

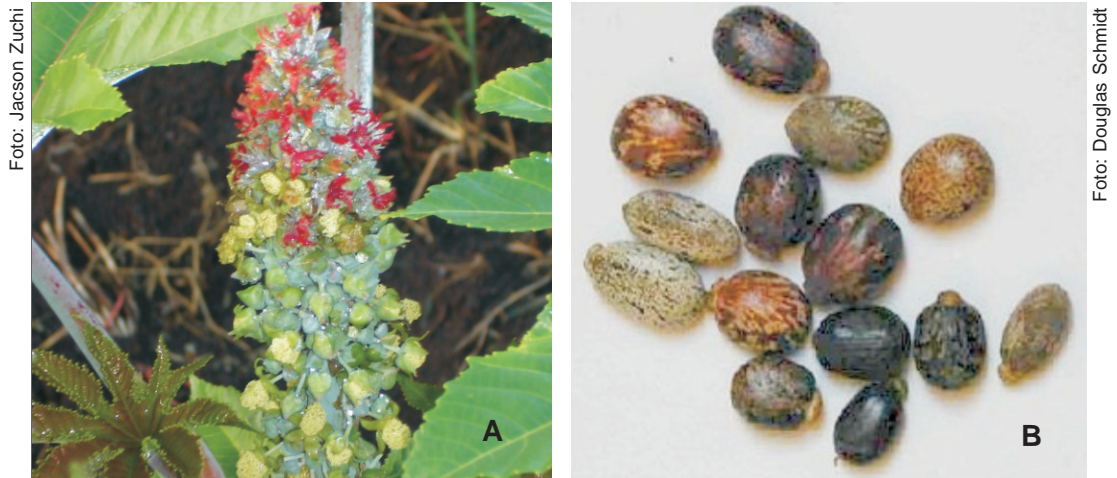


Fig. 2. Racemo da mamona (A) e variabilidade de grãos de mamona (B).

História antiga

Os primeiros registros de cultivo da mamona foram encontrados em urnas funerárias de sacerdotes egípcios, por volta de 4000 a.C. Relatos da história evidenciam sua utilização para fins medicinais, por volta de 2000 a.C, na Índia. Na Europa, a primeira referência à espécie foi em cultivos realizados pelo bispo Albert Magnus durante a primeira metade do século 13. Sua popularização como planta ornamental ocorreu no século 16, sendo o óleo utilizado com propósitos medicinais.

No continente americano, sua introdução foi provavelmente realizada pela chegada dos europeus, embora as formas existentes estejam relacionadas com as da África (SAVY FILHO, 1999). Uma segunda hipótese é que as sementes de mamona, além de terem sido trazidas pelos europeus, também teriam sido introduzidas pelos escravos vindos do continente africano no século 16 (RODRIGUES et al., 2002).

De qualquer forma, os portugueses utilizavam o óleo de mamona na iluminação das primeiras cidades e na lubrificação dos eixos das carroças. Sua importância foi expandida durante a Era Colonial, quando dela se extraía o óleo para lubrificar as engrenagens e os mancais dos inúmeros engenhos de cana.

História recente

No Brasil, a mamona encontrou condições favoráveis para seu cultivo, de forma que, em 1940, o País se tornou o seu primeiro produtor mundial. Em 1974, a produção nacional de bagas chegava a 573 mil toneladas; enquanto, na produção de óleo, o País já figurava como o maior exportador mundial. Segundo Coelho (1979), a cada 100 kg de mamona em bagas se obtém, em média, 45 kg de óleo e 50 Kg de farelo e torta. Dos 45 kg de óleo extraído, 36 kg são do tipo 1, o qual é obtido por meio de prensagem (geralmente hidráulica). Os outros 9 kg são do tipo 3 (qualidade inferior), que se obtém pela extração feita por meio de solventes químicos.

A evidência de que a mamona era produtora de um óleo especial, solúvel em álcool e o mais denso e viscoso de todos os óleos vegetais e animais que a natureza já forneceu, representou o ponto-chave que despertou, na época, o interesse na pesquisa e na produção comercial da espécie no Brasil. Para ter-se idéia de sua importância, o óleo de mamona, por ser possuidor de propriedades singulares que o fazem o mais versátil de todos, apresenta mais de mil aplicações industriais, além de ser um dos melhores óleos que se conhece para a produção de biocombustível.

Atualmente, a partir da industrialização da mamona se obtém como produto principal o óleo e, como subproduto, a torta, que, utilizada como fertilizante, possui a capacidade de restaurar solos esgotados. Apesar de seu alto valor protéico (32 % a 40 %), a mamona não é utilizada na

alimentação animal, por ser produto tóxico. Além disso, mesmo que exista a possibilidade de desintoxicação para seu emprego na ração animal, o processo é extremamente complexo e caro, estimulando as usinas de óleo a venderem a torta de mamona apenas como fertilizante.

Índia, China e Brasil são, atualmente, os três principais produtores mundiais de mamona em baga, possuindo também a maior área cultivada do produto. Em 2001, esses países foram responsáveis por 89 % da área cultivada e por 94 % da produção mundial. Alemanha e Tailândia representam os principais países importadores, os quais foram responsáveis, em 2000, por 91 % das importações mundiais de baga. Em termos de óleo de mamona, os três maiores produtores mundiais são a Índia, a China e o Brasil, os quais representam 92 % da produção; no entanto, o Brasil é o segundo maior exportador mundial, ficando a uma grande distância da Índia que, em 2001, participou com 85 % das exportações. Por sua vez, a França, os Estados Unidos e a China são os maiores importadores.

Os trabalhos sobre o melhoramento genético da mamona tiveram início nos Estados Unidos, por volta do ano de 1920, tendo como enfoque o ajuste da espécie ao manejo mecanizado de produção. No Brasil, o primeiro programa de melhoramento genético de mamona iniciou-se em 1936, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), bem como os primeiros resultados sobre o manejo cultural da espécie.

Melhoramento genético da mamona

Entre os primeiros trabalhos com a cultura da mamoneira, o melhoramento genético teve grande contribuição, principalmente por meio dos testes de adaptação da espécie a diferentes regiões edafoclimáticas brasileiras. Esse método é conhecido como introdução de plantas, em que diferentes constituições genéticas foram testadas em ambientes específicos, em comparação a genótipos padrões de conhecido rendimento e adaptação.

Por apresentar flores femininas na parte superior da inflorescência e masculinas na inferior, a mamoneira é planta do tipo monóica, podendo apresentar taxas de fecundação cruzada de 10 % a 40 %. Nesse sentido, grande variabilidade pode ser encontrada em propriedades rurais, permitindo a seleção de genótipos distintos em populações naturais onde a espécie se desenvolve, possibilitando que métodos sem hibridação artificial, como a seleção massal com e sem teste de progênie, possam ser empregados. A seleção massal sem teste de progênie consiste na coleta de plantas de fenótipo similar na qual as melhores plantas são identificadas e as sementes colhidas e misturadas em *bulk*. Já o massal com teste de progênie caracteriza-se pela seleção individual de cada planta e avaliação de sua progênie constituindo uma linha na próxima geração. Este último método é o mais indicado em se tratando de seleção em populações naturais, pois permite identificar com precisão – por meio do fenótipo da progênie – o potencial genético da planta produtora de grãos.

Com vistas no incremento da variabilidade genética, a hibridação é o mecanismo primordial, o qual determina em programas de melhoramento o aumento de classes fenotípicas distintas, por meio da recombinação de genitores. Esse procedimento permite que populações-base de seleção, como a F_2 , sejam obtidas e, aliadas aos métodos de melhoramento, possibilitem de forma eficiente a seleção de recombinantes mais produtivos e adaptados. Portanto, como a mamoneira é planta de hábito reprodutivo misto, ou seja, reproduz-se tanto por autofecundação quanto por fecundação cruzada, não ocorre depressão endogâmica quando ela é submetida à autopolinização, o que possibilita que plantas geneticamente puras sejam obtidas por meio da polinização controlada. Nesse sentido, os métodos mais empregados em programas de melhoramento da espécie, nos quais a hibridação está envolvida, são: seleção massal, genealógico e retrocruzamentos.

O método massal consiste na seleção das melhores plantas com suas sementes colhidas em *bulk*, a partir de populações

segregantes oriundas de cruzamento de genitores elite. As plantas fenotipicamente superiores que foram selecionadas são submetidas a ciclos de polinização controlada, com vistas no aumento da homozigose aliada à seleção individual de plantas e à mistura de sementes dos fenótipos desejáveis. Esse procedimento é mantido até o ponto em que os caracteres de interesse estejam praticamente fixados. Contudo, segundo Savy Filho (1999), a eficiência da seleção massal depende da herdabilidade do caráter no ambiente específico de seleção, necessitando, portanto, de mecanismos que permitam reduzir a variância de ambiente, a fim de facilitar a seleção com base em diferenças genéticas. É possível atenuar a influência do ambiente pelo emprego da seleção massal estratificada, de forma que se diluam os efeitos da heterogeneidade do solo pela divisão do campo experimental em parcelas ou estratos. Um sistema que pode representar benefícios no melhoramento da mamona com base na hipótese de redução dos efeitos de ambiente, principalmente em caracteres quantitativos, é o método denominado “colméia”, proposto por Fasoulas em 1973, no qual as plantas são dispostas na forma de um hexágono e, pela reduzida distância entre os genótipos avaliados dentro desse esquema experimental, a variância fenotípica é teoricamente igual à variância genética. Assim, os erros decorrentes de seleção são determinados integralmente pelos efeitos de dominância e epistasia que se apresentam maximizados nas gerações iniciais de seleção (FASOULAS, 1973).

No método genealógico de seleção, o processo se inicia com a escolha de genitores potenciais com elevada capacidade de formação de populações elite, alvo de criteriosa avaliação pelo melhorista. Após a autofecundação das plantas F_1 , as sementes colhidas são semeadas a campo no próximo ano, constituindo a população F_2 , que expressa a máxima variabilidade genética. Contudo, na geração F_2 é realizada a seleção de plantas individuais que serão testadas em ensaios de progênies dando origem à população F_3 . Na F_3 , a seleção pode se dar tanto dentro das melhores

plantas dentro da linha, como entre linhas, onde cada planta selecionada é acompanhada de teste de progênie na próxima geração, até que a heterozigose seja reduzida, os efeitos de dominância e epistasia neutralizados e cada genótipo esteja individualizado em famílias que são testadas e comparadas a genótipos padrões de elevado rendimento, estabilidade e adaptação.

No método do retrocruzamento, o objetivo é a transferência a um genótipo elite, denominado recorrente, de um caráter desejável proveniente de um genótipo doador. Essa técnica é fortemente empregada em programas de melhoramento, principalmente no que se refere à transferência de caracteres qualitativos, tais como genes de resistência a moléstias, de modo que permita a sobrevivência da cultivar ainda por longos anos de cultivo pelos agricultores. Dessa forma, o F_1 obtido do cruzamento é retrocruzado com o genitor recorrente. Esse procedimento é mantido até que praticamente seja recuperado o genoma do genitor padrão. Portanto, a cada retrocruzamento, uma seleção com as características do genitor recorrente, que contém o caráter de interesse, é cuidadosamente avaliada na população, determinado os critérios de avaliação e seleção das plantas desejadas.

Composição química e toxicologia

A mamona apresenta uma proteína altamente tóxica, de difícil destoxificação. Esse fato impossibilita seu uso na formulação de rações para o consumo animal, e, portanto, o óleo de mamona é a única forma de exploração comercial da espécie. A seguir, serão abordados os principais componentes do grão, considerando-se sua exclusividade, importância econômica e, até mesmo, sua toxicidade.

As sementes da mamona, das quais é extraído o óleo, contêm em média 44 % de lipídios. Seu principal componente é um alcalóide denominado ricinina. Além disso,

entre a fração protéica, destaca-se a ricina, substância com características tóxicas que limita a exploração da espécie para outros fins. A composição média dos grãos da mamona é de 12 % a 16 % de proteína, 35 % a 55 % de lipídios, 23 % a 28 % de carboidratos, 3 % a 7 % de fibras e 2 % a 2,2 % de cinzas.

Óleo de mamona (rícino)

Antes mesmo de se tornar uma opção promissora no uso, em grande escala, como biocombustível, o óleo da mamona já era bastante empregado pelo homem. A sua utilização vai desde a indústria têxtil (óleo sulfonado) até a fabricação de tintas de impressão offset ou de vernizes (ácido octadecadienóico), que são usados em revestimentos de lonas. No Brasil, a primeira utilização do óleo de mamona foi para iluminar as grandes cidades no século 19, por meio do uso de lampiões. Essa foi a opção escolhida, pelo fato de a combustão do óleo de mamona não liberar odor desagradável.

Em 1946, quando o engenheiro norte-americano Ray Arden desenvolveu o sistema de ignição a velas (*glow plug*) para motores de veículos, um detalhe tecnológico exigiu a substituição de lubrificantes minerais (petróleo) pelo óleo de mamona, em virtude de seu comportamento diante de determinadas temperaturas. Ainda hoje, é amplamente utilizado em situações específicas nas quais outros óleos (minerais ou sintéticos) se tornam menos eficientes. Tal é a relevância da característica do óleo que a lubrificação de certos equipamentos, como mancais ou engrenagens sujeitas a esfriamento pela água, é realizada apenas com óleo de mamona, pois sua estrutura química lhe confere alta capacidade de aderência às superfícies umedecidas. Além disso, seu baixo ponto de solidificação (em torno de -30 °C) possibilita que, em regiões geladas, veículos automotores utilizem basicamente esses lubrificantes.

Na indústria farmacêutica, o óleo de mamona também apresenta ampla gama de utilização. A partir dele são obtidos cosméticos, próteses humanas e base de medicamentos, principalmente a linha de laxantes. O óleo de mamona é composto por uma mistura de 85 % de triricinoleoilglicerol; o restante é formado por diricinoleoilgliceróis com grupo acila (ácido oléico e linoléico) e ácido palmítico. No sistema digestivo humano, a molécula de triricinoleoilglicerol é hidrolisada por uma lipase pancreática, liberando o ácido ricinoléico que exerce ação estimulante nos movimentos peristálticos; por isso, é bastante utilizado em ocasiões médicas nas quais a evacuação do cólon se faz necessária (ROBBERS et al., 1997). Segundo Costa (1994), a dose laxativa é de 5 g a 10 g, e a dose purgativa, de 20 g a 30 g de óleo por indivíduo. Ainda segundo Robbers et al. (1997), o óleo de mamona também é utilizado como agente consolidante de várias fórmulas farmacêuticas, de sabões transparentes e de cosméticos.

Ricinina

A ricinina é um alcalóide presente no óleo, que tem como característica importante a alta capacidade de provocar alergias. Sua toxicidade nas sementes é muito pequena, além de apresentar também reduzidas concentrações que variam entre as partes da planta: 1,3 % nas folhas (matéria seca), 0,03 % no endosperma e 0,15 % no tegumento do grão. As concentrações de ricinina são decorrentes basicamente da composição genética e do efeito de ambiente em que a mamona é cultivada. Segundo Trugo (1979), os teores nas sementes descortçadas e delipidadas (sem óleo) variam de 6,1 % a 9,0 %. Ao analisar amostras de tortas de mamona comercial, Trugo (1979) encontrou valores que oscilaram entre 0,92 % e 4,2 %.

A ricinina, basicamente, provoca distúrbios alergênicos (alergias), sendo de certa forma inofensiva ao homem; entretanto, é capaz de provocar asma, febre, eczemas e

desconforto com sintomas gerais. Os pesquisadores Spies e Coulson, em 1944, isolaram das sementes a fração responsável por causar alergia. Esse fato resultou em grande surpresa e contribuiu de forma notável com as pesquisas envolvendo a espécie, pois, até então, se pensava que os sintomas de alergia eram devidos à ricina, que representa a fração protéica do grão de elevada toxidez (CARVALHO, citado por COSTA, 1994). Porém, verificaram que a ricinina não possuía toxidez, indicando que alergia e toxidez tinham causas diferentes. A fração alergênica da mamona é composta por um conjunto de glicoproteínas denominadas CB-1A, as quais estão entre as substâncias de maior poder alergênico conhecidas pelo homem. Trugo (1979) verificou que o grupo de alergênicos é composto por diversas estruturas que diferem tanto na porção protéica quanto na glicídica, classificadas em sete distintas frações, por meio de diferentes gradientes de pH.

Ricina

Certamente, das substâncias contidas nas sementes da mamona a ricina é a que apresenta maiores riscos de morte tanto para homens quanto para animais. Trata-se de uma proteína extremamente venenosa, capaz de paralisar o sistema de tradução de proteínas dos ribossomos, além de aglutinar ou imobilizar os glóbulos vermelhos do sangue. Em virtude das diferenças que há entre os indivíduos, as reações ao contato com quantidades diversas de ricina podem variar de um organismo para o outro. Em decorrência disso, não há ainda um consenso sobre os valores que representariam uma dose letal para os organismos superiores. No entanto, é interessante estabelecer dados que possam refletir valores próximos dos verdadeiros, a fim de demonstrar a alta capacidade letal dessa substância, quando ingerida. Considerando-se diferentes espécies, o valor médio de sementes de mamona que pode ser considerado letal é apresentado a seguir: a) homem – de 2,5 a 20 sementes; b) coelho – 4 sementes; c) ovino – 5 semen-

tes; d) bovino – 6 sementes; e) eqüino – 7 sementes; f) suíno – 11 sementes; g) aves (ex.: frango e pato) – 80 sementes.

A ricina tem seu mecanismo tóxico agrupado ao conjunto de proteínas inibidoras da síntese de algumas proteínas em eucariotos (LENINGHER et al., 1995), denominadas RIPS (do inglês Ribosome-Inactivating-Proteins). Em 1988, Endo e Tsurugi divulgaram um trabalho decisivo, no qual descreveram o mecanismo da ação da ricina sobre a unidade 60S dos ribossomos. Mais especificamente, a ricina é um alcalóide com duas cadeias, A e B, ligadas por dissulfetos. A cadeia B é uma lectina que reage com a galactose. A partir dessa ligação, a proteína se liga à membrana celular liberando a cadeia A para o interior da célula, na qual vai inibir de forma irreversível a síntese de proteínas em nível de ribossomo. A paralisação dessa função nas células evolui, culminando com a morte celular (LORD et al., 1994).

A ricina pode ocasionar uma segunda via de intoxicação que leva ao desencadeamento de uma série de problemas no metabolismo animal. Inicialmente, a ricina forma um complexo com a hemoglobina, que perde seu sítio de ligação, no qual se ligam moléculas de oxigênio utilizadas para a respiração, prejudicando as propriedades de hemólise e hemaglutinação. Posteriormente, ao chegar ao fígado, provocam lesões nos tecidos, prejudicando as funções de equilíbrio da glicose no sangue. Finalmente, a tentativa de eliminar pelos rins essas hemoglobinas “danificadas” pela secreção, ocasiona uma sobrecarga das funções renais. A ocorrência em série desses fatos provoca uma crise no organismo, o que se traduz pelos sintomas: cólica, vômito, diarreia, aceleração cardíaca, hipertensão, desidratação e, finalmente, colapso na circulação sanguínea (AUDI et al., 2005).

O poder de toxidez da ricina é tão relevante que chamou a atenção de autoridades da época, ao ser usada no assassinato do jornalista búlgaro Georgi Markov, em 1978, na cidade de Londres (LORD et al., 1994). Além disso, por volta de 1980, chegou a ser usada como arma tóxica durante os conflitos na guerra fria e por facções nas guerrilhas no Oriente Médio.

Estudos recentes apontam para o uso terapêutico da ricina no tratamento do câncer (BIES et al., 2004). Outras experiências realizadas anteriormente também sugerem que células malignas são mais suscetíveis à ricina, o que comprova, portanto, que há possibilidades de eliminação de células mutantes com tratamentos que contenham ricina (GODAL et al., 1984; LORD et al., 1994).

O grande risco nas intoxicações com mamona, tanto no uso como arma química, na industrialização, quanto por acidentes alimentares, no meio rural, sempre foi muito preocupante, pois se desconhecem os mecanismos para a desintoxicação. Entretanto, estudos recentes baseados em biotecnologia permitiram a obtenção de uma proteína recombinante, que está sendo testada como antídoto para a ricina. Segundo Smallshaw et al. (2005), esse estudo pré-clínico está sendo conduzido nos Estados Unidos, para avaliar a eficácia desse possível antídoto batizado como RiVax .

Perspectivas

Desde a regulamentação a respeito da produção de biodiesel, a cultura da mamona tem recebido forte atenção principalmente no que se refere à produção e à comercialização do óleo bruto, tanto no mercado interno quanto no externo. Além de a exploração da mamona ser considerada como alternativa energética, a produção de óleo tem sido também direcionada para outros processos, principalmente para evolução da ricinoquímica, permitindo a exploração de uma ampla gama de produtos industriais obtidos a partir do óleo. A cultura da mamona tem adquirido grande espaço nas discussões do meio rural. Tal fato se deve ao promissor programa nacional de biodiesel do governo federal. Acredita-se que a cultura possa trazer grande contribuição, de modo que possa alavancar a geração de emprego e renda, em virtude de ser uma alternativa de exploração econômica e, principalmente, de massiva participação na agricultura familiar (PAULA NETO; CARVALHO, 2006). Embora a produção de grãos

seja a atividade de maior número de postos de trabalho, a extração de óleo tem recebido maior destaque no cenário nacional.

A projeção de uma cultura como a mamona não é uma tarefa simples, principalmente pelo fato de o óleo ou seu subproduto não poderem ser utilizados na alimentação humana. De qualquer forma, é fundamental que se faça investimentos em pesquisa, com o objetivo de promover o desenvolvimento de tecnologias que permitam a destoxificação da ricina, possibilitando o uso da fração protéica na formulação de rações para alimentação animal, agregando-se, assim, maior valor à cultura.

Para que o cenário de crescimento e desenvolvimento dessa espécie se concretize, é de extrema importância estabelecer, por intermédio do melhoramento genético, objetivos claros para a obtenção de novas cultivares mais produtivas e adaptadas às condições edafoclimáticas regionais e específicas para o nível de tecnologia empregado pelos diferentes agricultores. Além disso, são também fundamentais os seguintes fatores: a) fornecimento de semente genética de elevada qualidade para expansão da área cultivada; b) política de preços mínimos garantindo a renda ao produtor; c) instalações de unidades para produção de óleo e de biodiesel; d) venda desses produtos para o mercado exterior. Atualmente, a produção de óleo de mamona não é muito competitiva, quando comparada à de outras espécies. No entanto, essas medidas contribuirão fortemente para o desenvolvimento tecnológico e científico da espécie, a fim de promover e de projetar a ricinocultura em âmbito nacional.

Referências

ALONSO, J. R. **Tratado de fitomedicina: bases clínicas e farmacológicas**. Buenos Aires: Isis, 1998. 1039 p.

AUDI, J.; BELSON, M.; PATEL, M.; SCHIER, J.; OSTERLOH, J. Ricin poisoning – a comprehensive review. **American Medical Association**, Chicago, v. 294, n. 18, p. 2.342-2.351, 2005.

- BIES, C.; LEHR, C. M.; WOODLEY, J. F. Lectin-mediated drug targeting: history and applications. **Advanced Drug Delivery Reviews**, Arlington, v. 56, n. 4, p. 425-435, 2004.
- BRADBERRY, S. M.; DICKERS, K. J.; RICE, P.; GRIFFITHS, G. D.; VALE, J. A. Ricin poisoning. **Toxicological Reviews**, Oxford, v. 22, n. 1, p. 65-70, 2003.
- COSTA, A. F. **Farmacognosia**. Lisboa: Fundação Galouste Gulbenkian, 1994. 1031p.
- COSTA, H. M.; RAMOS, V. D.; ABRANTES, T. S.; CASTRO, D. F.; VISCONTE, L. Y.; NUNES, R. C. R.; FURTADO, C. R. G. Efeito do óleo de mamona em composição de borracha natural contendo sílica. **Polímeros: ciência e tecnologia**, São Carlos, v. 14, n. 1, p. 46-50, 2004.
- ENDO, Y.; TSURUGI, K.; EBERT, R. F. The mechanism of action of barley toxin: a type 1 ribosome-inactivating protein with RNA N-glycosidase activity. **Biochimica et Biophysica Acta**, Amsterdam, v. 954, n. 2, p. 224-226, 1988.
- FAO. **FAOSTAT data**. Data archives: oilseeds, oils, fats, cakes and meals. 2006. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 3 jul. 2006.
- FASOULAS, A. **A new approach to breeding superior yielding varieties**. Thessaloniki, Greece: Aristotelian University, 1973. 42 p.
- FREIRE, R. M. M. Ricinoquímica. In: AZEVEDO, D. P. M. de; LIMA, E. F. (Ed.). **O agronegócio da mamona no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão; Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001. p. 295-334.
- GODAL, A.; FODSTAD, O.; INGEBRIGTSEN, K.; PIHL, A. Pharmacological studies of ricin in mice and humans. **Cancer Chemotherapy and Pharmacology**, Berlin, v. 13, n. 3, p. 157-163, 1984.
- LENINGHER, A. L.; NELSON, D. L.; COX, M. M. **Princípios de bioquímica**. São Paulo, Sarvier, 1995. 841 p.
- LORD, J. M.; ROBERTS, L. M.; ROBERTUS, J. D. Ricin: structure, mode of action and some current applications. **The Faseb Journal**, Stanford, v. 8, n. 2, p. 201-208, 1994.
- OSBORN, T. B.; MENDEL, L. B.; AND HARRIS, I. F. A study of the proteins of the castor beans with special reference to the isolation of ricin. **American Journal of Physiology**, Maryland, v. 14, p. 258, 1905.
- PAULA NETO, F. L. de; CARVALHO, J. M. M. **Perspectivas para a cultura da mamona no nordeste em 2006**. Disponível em: <http://www.bnb.gov.br/content/aplicacao/ETENE/Artigos/docs/perspectivas_mamona.pdf>. Acesso em: 05 jul. 2006.
- ROBBERS, J. E.; SPEEDIE, M. K.; TYLER, V. E.; COSTA, F. B. **Farmacognosia e farmacobiotecnologia**. São Paulo: Premier, 1997. 372 p.
- RODRIGUES, R. F. de O.; OLIVEIRA, F. de; FONSECA, A. M. As folhas de palma christi – *Ricinus communis* L. Euphorbiaceae Jussieu. **Revista Lecta**, Bragança Paulista, v. 20, n. 2, p. 183-194, 2002.
- ROJAS-BARROS, P.; HARO, A.; FERNANDEZ-MARTINEZ, J. M. Inheritance of high oleic/low ricinoleic acid content in the seed oil of castor mutant OLE-1. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 1, p. 157-162, 2005.
- ROJAS-BARROS, P.; HARO, A. de; MUÑOZ, J.; FERNANDEZ-MARTINEZ, J. M. Isolation of natural mutant in castor (*Ricinus communis* L.) with high oleic/low ricinoleic acid content in the seed oil. **Crop Science**, Madison, v. 44, n. 1, p. 76-80, 2004.
- SAVY FILHO, A. Melhoramento da mamona. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1999. p. 383-407.

SINGH, D. Castor. In. SIMMONDS, N. W. **Evolution of crop plants**. Edinburgh: Longman, 1986. p. 84-86.

SMALLSHAW, J. E.; RICHARDSON, J. A.; PINCUS, S.; SCHINDLER, J.; VITETTA, E. S. Preclinical toxicity and efficacy testing of RiVax, a recombinant protein vaccine against ricin. **Vaccine**, Oxford, v. 23, n. 39, p. 4.775-4.784, 2005.



M aracujá

A religiosidade como agente dispersor

Foto: Gustavo Heiden



M aracujá

Gustavo Heiden

O interesse atual no cultivo das passifloras é consequência, sobretudo, das características ornamentais, das propriedades medicinais ou da produção de frutos comestíveis que as espécies do gênero *Passiflora* apresentam, isoladamente ou em conjunto. Entretanto, no passado, o principal fator associado à dispersão dessas plantas foi o misticismo atribuído, por acaso, às flores do gênero, que passaram a ser consideradas uma revelação de Deus aos homens, por testemunharem os mistérios da Paixão de Cristo.

Além do valor estético e do uso medicinal tradicional, entre 50 e 60 espécies de *Passiflora* produzem frutos comestíveis. Algumas dessas espécies são cultivadas com fins comerciais, desde o nível do mar até a mais de 3 mil metros de altitude, na zona tropical e subtropical das Américas, na Austrália, na Nova Zelândia, no Havaí, na África do Sul, no Sri Lanka, no Quênia, na Tailândia e no Mediterrâneo. As espécies com exploração comercial mais significativa para a produção de frutos são: *P. edulis* Sims, *P. tripartita* Bailey

var. *molissima*, *P. ligularis* Juss. e *P. quadrangularis* L. (DEGINANI, 2001). Além dessas, outras espécies de importância regional são cultivadas para a produção de frutos, principalmente por pequenos agricultores nos países andinos e, esporadicamente, na Nova Zelândia (YOUNG, 1970).

Taxonomicamente, a família Passifloraceae compreende cerca de 20 gêneros e 600 espécies (SOUZA; LORENZI, 2005) e é dividida em duas tribos: *Paropsieae* (com seis gêneros, presentes na África e em Madagascar) e *Passifloreae* (com 14 gêneros, 5 deles presentes no Novo Mundo e 9 no Velho Mundo). Turneraceae e Malesherbiaceae são as famílias mais proximamente relacionadas à Passifloraceae e, às vezes, são consideradas por alguns autores como parte dela (MACDOUGAL; FEUILLET, 2004). Para Judd et al. (1999), a monofilia das Passifloraceae é confirmada principalmente pela presença de uma corona nas flores. A tribo *Paropsieae* contém arbustos e árvores que carecem de gavinhas e representa um complexo basal parafilético dentro da família, enquanto a tribo *Passifloreae* é claramente monofilética, fato evidenciado pelo hábito trepador (gavinhas axilares) e pela presença de flores especializadas.

Passiflora L. é o maior e mais amplamente distribuído gênero da flora tropical (VANDERPLANK, 1996). É o mais diversificado dentro da família Passifloraceae, com cerca de 520 espécies (MACDOUGAL; FEUILLET, 2004). A maioria das espécies ocorre entre os trópicos de Câncer e de Capricórnio, nas Américas, na África, na Ásia, na Austrália e nas Ilhas do Oceano Pacífico (DEGINANI, 2001). Apenas 25 espécies são nativas do sudeste asiático, da África e da Oceania (ULMER; MACDOUGAL, 2004). A América do Sul detém 95 % das espécies (VANDERPLANK, 1996), metade delas na Zona Andina, onde está a maior concentração de espécies endêmicas (DEGINANI, 2001). Entretanto alguns autores apontam o centro-norte do Brasil como centro de diversidade (MANICA, 1981). O número de espécies referidas para o

Brasil varia de cerca de 130, em maior número na Bacia Amazônica (KILLIP, 1938), até aproximadamente 200 (OLIVEIRA et al., 1988). A taxonomia do gênero – complexamente subdivido em subgêneros, seções e séries – é baseada em inúmeras estruturas florais e vegetativas. A primeira classificação infragenérica foi elaborada por Killip (1938), que distribuiu 355 espécies em 22 subgêneros. Macdougall e Feuillet (2004) propuseram uma nova classificação infragenérica, onde *Passiflora* é dividido em quatro subgêneros: *Astrophea* (57 espécies), *Deidamioides* (13 espécies), *Decaloba* (214 espécies) e *Passiflora* (236 espécies). Em uma análise filogenética do gênero, com base em caracteres moleculares, Yockteng e Nadot (2004) identificaram a formação de oito cladogramas (*Astrophea*, *Deidamioides*, *Dysosmia*, *Granadilla*, *Plectostemma*, *Polyanthea*, *Tetrapathea* e *Tryphostemmatoides*) e sugeriram que cada um deles deveria ser considerado um subgênero. No entanto, resultados de Muschner et al. (2003) com marcadores moleculares corroboram a proposição de Feuillet e MacDougal (2003). Na tese de doutorado de Muschner (2005) e em trabalhos mais recentes (MUSCHNER et al., 2006a,b), isso é amplamente reforçado, e as conclusões de Yockteng e Nadot (2004) são refutadas.

Quanto à citogenética, Snow e MacDougal (1993) citam que 75 espécies tiveram seus números cromossômicos determinados. Conforme De Melo (2001, PhD Thesis) citado por Snow e MacDougal (1993) e por Melo et al. (2001), citologicamente, as passifloras podem ser divididas em quatro grupos cariológicos, representados por $x=6$, $x=9$, $x=10$ e $x=12$. A maioria das espécies é diplóide, com $2n=12$, $2n=18$ ou $2n=20$, embora alguns tetraplóides ($2n=24$), hexaplóides ($2n=36$) e octaplóides ($2n=72$) tenham sido registrados. Segundo o autor, diferentes números cromossômicos básicos ($x=3$, 6 , 9) foram propostos para o gênero, sem que haja ainda um entendimento claro dessa variação e das relações filogenéticas entre as espécies (STOREY, 1950; RAVEN, 1975; MORAWETZ, 1986; SNOW; MACDOUGAL, 1993). Recentemente, Melo et al. (2001),

revisando a citotaxonomia do grupo, consideraram $x=6$ como o mais provável número cromossômico básico do gênero, enquanto $x=9$, $x=10$ e $x=12$ foram considerados números cromossômicos básicos secundários. Entretanto, o segundo número cromossômico básico mais provável para o autor ($x=12$) aparenta ter sido importante na evolução do grupo, uma vez que ele é mais bem representado nos outros gêneros da família. Os mecanismos provavelmente relacionados às variações de número cromossômico foram dispoloidia ($x=12 \rightarrow 6$) ou poliploidia ($x=6 \rightarrow 12$) (MELO et al., 2001). Souza et al. (2004), ao estudarem a variação no tamanho de genoma em oito espécies por meio de citometria de fluxo, concluíram que as espécies de *Passiflora* podem ser consideradas como dotadas de um genoma de tamanho mediano, com a existência de variação significativa no conteúdo de DNA nuclear entre as espécies, mas não entre indivíduos da mesma espécie ou entre diferentes partes da mesma planta.

Com respeito à morfologia, Killip (1938) e MacDougal (1994) afirmam que, entre as angiospermas, nenhum outro grupo apresenta tanta diversidade em formato das folhas. As flores também variam em tamanho e coloração, com a corona e o perianto diversamente orientados e desenvolvidos, tendo cada tipo surgido como resultado das relações coevolutivas com agentes polinizadores (MACDOUGAL, 1994).

A diversidade existente para tamanho e formato da folha é creditada à coevolução com borboletas do gênero *Heliconius*, nativas das Américas Central e do Sul, as quais se alimentam somente em indivíduos de *Passiflora* durante o estágio larval. Como defesa, algumas passifloras possuem folhas que imitam a aparência e o formato das folhas de outras plantas que não são consumidas por essas lagartas. Em florestas pluviais, por exemplo, certas passifloras jovens imitam o formato de folhas de plantas que crescem no chão, enquanto exemplares com muitos anos de idade possuem folhas semelhantes às de espécies típicas de vegetação de dossel. Em virtude disso, fêmeas de *Heliconius*

possuem um par de patas dianteiras, com as quais elas tateiam e provam uma planta hospedeira em potencial para testar se é uma passiflora camuflada ou uma planta inapropriada para a postura dos ovos (ULMER; MACDOUGAL, 2004).

Gilbert (1991) demonstrou que borboletas *Heliconius* podem ver e memorizar formas, por serem capazes de reconhecer, pelo formato das folhas, as espécies de *Passiflora* nas quais necessitam ovipositar. Ao longo do tempo evolutivo, certo equilíbrio foi estabelecido e espécies de *Heliconius* coevoluíram com espécies de *Passiflora*, em relação à alimentação das lagartas (HALLÉ, 2002). Esse mesmo autor demonstrou, ainda, que predação excessiva na folhagem das passifloras inibia o florescimento da planta, e, de forma a reduzir ou evitar a predação pelas lagartas e atingir a maturidade sexual, a tendência para diversificação de formato de folha foi estimulada. Uma passiflora cujas folhas divergissem do padrão da espécie teria chances maiores de evitar a predação e, conseqüentemente, teria a capacidade de reprodução aumentada. Quanto mais diferente a folha, menor a chance de ataque das lagartas à planta. Essa diversificação da folhagem pode ter favorecido a especiação no gênero (HALLÉ, 2002).

A presença de toxinas nas folhas, especialmente glicosídeos cianogênicos, é outra forma de defesa, porém mais generalizada. Esse metabólito, embora tóxico para a própria planta, é neutralizado pela aglutinação com açúcares e estocado principalmente nas folhas. Com o envelhecimento da folha, a concentração de glicosídeos cianogênicos diminui. Embora a toxina tenha efeito sobre numerosas pragas, não afeta as lagartas de *Heliconius*, que desenvolveram enzimas capazes de degradar os glicosídeos cianogênicos e passaram a usar as mesmas enzimas para reverter a direção da reação e construir seus próprios glicosídeos cianogênicos, quimicamente diferentes daqueles das plantas hospedeiras. Esses defensivos químicos naturais e a coloração brilhante de advertência

atuam na defesa das larvas de *Heliconius* ao afugentar os pássaros. Estratégias mais eficazes contra a predação por lagartas de *Heliconius* são os nectários extraflorais e a presença de pontos amarelados nas folhas (ULMER; MACDOUGAL, 2004).

Funcionalmente, os nectários extraflorais atraem e recompensam formigas e vespas, que agem como patrulhas, afastando animais que poderiam comer a planta, como por exemplo, as lagartas de *Heliconius* (GILBERT, 1982). Já os pontos amarelados simulam que uma borboleta já ovipositou na planta; em consequência disso, como uma única planta não provê espaço suficiente para inúmeros ninhos de ovos e pelo fato de as lagartas de algumas espécies serem freqüentemente canibais, as fêmeas são afugentadas e procuram, então, outro local para pôr os ovos (ULMER; MACDOUGAL, 2004).

Em relação à biologia floral de algumas espécies, como *P. edulis* Sims, por exemplo, o estigma permanece receptivo apenas durante o dia em que a flor abriu, e o pólen perde a viabilidade após 24 horas (AKAMINE; GIROLAMI, 1959; RUGGIERO et al., 1976, VASCONCELOS, 1991). De modo geral, as flores são perfumadas quando abrem, o néctar é secretado em uma cavidade na base do androginóforo e o pólen é pesado e pegajoso. Essas características, em conjunto com a posição das anteras quando o pólen é exposto e com a posição funcional dos estigmas, indicam que as flores estão adaptadas mais à polinização por insetos do que pelo vento. Conforme Hammer (1987), o hábito da abelha melífera de roubar néctar pode causar desenvolvimento de frutos menor do que o esperado em *P. edulis*. Além disso, as mamangavas (*Xylocopa* spp.) são grandes o suficiente e, ao se movimentarem ao redor da flor para obter néctar, encostam o corpo nas anteras e estigmas e transferem o pólen de um órgão para o outro e de flor para flor. Aproximadamente 700 espécies de *Xylocopa* Latreille (Anthophoridae) ocorrem nas regiões tropicais de todo o

mundo (HURD, 1978). Esses insetos apresentam duas gerações por ano e também dois picos de atividade, que são coincidentes com os períodos de floração dos maracujás (CAMILLO, 1978; CAMILLO; GARÓFALO, 1982).

Quanto ao comportamento reprodutivo, a reprodução sexuada das espécies pode envolver tanto sistemas autocompatíveis como auto-incompatíveis, havendo também casos em que ocorrem variedades de ambos os sistemas reprodutivos em uma mesma espécie, como em *P. edulis* Sims, na qual o maracujá-roxo (*P. edulis* forma *edulis*) é autocompatível e dispensa polinização cruzada, enquanto o maracujá-amarelo (*P. edulis* Sims forma *flavicarpa* O. Deg.) é auto-incompatível (ENDRESS, 1994).

A polinização está relacionada à mudança de posição dos órgãos reprodutivos durante parte da antese. Em *P. edulis*, a movimentação dos órgãos reprodutivos estabelece uma barreira temporal para a polinização em estigmas receptivos, mas não uma barreira fisiológica, pois o pólen está disponível durante toda a antese e os estigmas estão receptivos. Assim, no início da antese, as flores funcionam como doadoras de pólen e, só posteriormente, são funcionalmente femininas. O comportamento dos insetos tem influência direta no fluxo polínico. As abelhas coletoras de néctar recebem pólen no dorso ao entrarem e saírem da flor (SAZIMA; SAZIMA, 1978; ENDRESS, 1994).

Em *Passiflora*, a adaptação à quiropterofilia – polinização por morcegos – envolve antese noturna, posição ereta da flor, com sépalas e pétalas fletidas para baixo, presença de um opérculo filamentoso e redução no tamanho dos filamentos da coroa. Essa redução permite o fácil acesso à câmara nectarífera e aos órgãos reprodutivos (SAZIMA; SAZIMA, 1978). Já as flores tubulares com cores atrativas, das quais o vermelho é geralmente a cor predominante, são funcionalmente adaptadas à polinização por beija-flores, o que também é um sinal de alogamia. Espécies adaptadas à polinização por beija-flores também apresentam flores eretas, com sépalas e pétalas fletidas para

baixo, e corona reduzida. A presença de opérculo membranoso parece impedir que beija-flores e morcegos atinjam a câmara nectarífera em espécies entomófilas (SAZIMA; SAZIMA, 1978; VARASSIN; SILVA, 1999), mas é adequada à coleta de néctar por abelhas, em virtude do aparelho bucal flexível (KOSCHNITZKE; SAZIMA, 1997).

No maracujá-amarelo (*P. edulis* forma *flavicarpa*), as flores abrem ao meio-dia. Nesse momento, o estilete está ereto, mas começa a curvar poucos minutos após a abertura da flor. De acordo com a curvatura do estilete são reconhecidos três tipos de flores: completamente curvadas, parcialmente curvadas e flores sem curvatura. O período de curvatura dura cerca de 70 minutos. Os três tipos de flores podem ser encontrados em uma mesma planta; entretanto, as flores completamente curvadas são as mais comuns, e as flores sem curvatura, as mais raras (RUGGIERO, 1973). As flores não apresentam nenhuma outra característica distintiva além da curvatura dos estiletos. A frequência de flores sem curvatura pode variar de 0 % a 50 % em uma mesma planta. Quando elas são utilizadas como doadoras de pólen ocorre frutificação, mas quando são polinizadas, não ocorre frutificação, sugerindo uma anormalidade no gametófito feminino (RUGGIERO et al., 1976). Akamine e Girolami (1959) indicaram que, para a frutificação, é necessário um número mínimo de 190 grãos de pólen, e que há um aumento no número de sementes, no peso do fruto e do suco, à medida que o número de grãos de pólen colocados nos estigmas aumenta para 1.200.

A polinização por beija-flores é comum em vários subgêneros de *Passiflora* (MACDOUGAL, 1994), inclusive entre espécies distantemente relacionadas (MUSCHNER et al., 2006a,b), um indicativo de que tenha surgido de forma independente várias vezes no gênero. Geralmente as espécies de *Passiflora* polinizadas por beija-flores não produzem odores, possuem um androginóforo alongado e uma corona pouco desenvolvida. Mas são caracterizadas

por um grande apelo visual, em virtude da posição e da coloração das flores (avermelhadas, púrpuras ou rosas), que as tornam visíveis a distância (VARASSIN et al., 2001).

As espécies de *Passiflora* tipicamente polinizadas por morcegos (como *Passiflora mucronata* Lam.) atraem esses animais pelo odor (SAZIMA; SAZIMA, 1978). Apesar de os filamentos da corona serem mais curtos, eles produzem odores em maior quantidade quando comparados com os filamentos das espécies melitófilas. Geralmente as flores ficam posicionadas fora da folhagem, possuem longos pedúnculos e produzem grandes quantidades de néctar, o qual é estocado até a abertura da flor quando rapidamente é consumido (ENDRESS 1994). Assim como a ornitofilia (polinização por beija-flores), a quiropterofilia (polinização por morcegos) é encontrada em diversas espécies não relacionadas de *Passiflora* (MUSCHNER et al., 2006a,b).

A natureza do fruto está intimamente ligada ao mecanismo de dispersão de sementes de cada espécie. As sementes de quase todos os maracujás são dispersas por animais, na maior parte, por intermédio dos tratos digestivos de aves e de mamíferos. No subgênero *Decaloba*, é característica comum a ocorrência de frutos pequenos e de coloração escura, que aparentam serem consumidos por pássaros. Já no subgênero *Passiflora*, são comuns os frutos amarelados com um intenso odor frutado, e com o sabor pelo qual os maracujás são mais conhecidos. Esses frutos são consumidos por mamíferos, tanto frugívoros de dossel, como macacos e morcegos, quanto mamíferos onívoros que vivem no chão, como pacas, tapires, porcos-do-mato, quatis e gambás. Algumas plantas desse subgênero, como *P. variolata* Poepp. & Endl. e *P. maliformis* L., têm frutos lenhosos extremamente duros que só podem ser abertos com a ajuda de um martelo ou após a mastigação por um mamífero. No subgênero *Astrophea*, os frutos normalmente são amarelados, mas, como foram pouco estudados, não é sabido se são dispersos por aves, mamíferos ou por ambos. Em *P. menispermifolia* Kunth, *P. oerstedii* Mast. e *P. microstipula* L.E. Gilbert & J.M. MacDougal, os frutos são

verdes e aromáticos, permanecem na planta por um longo período e são provavelmente consumidos por morcegos. Por sua vez, espécies com frutos de cor roxa ou vermelha, com arilos sem cheiro, os quais caem da planta quando maduros (às vezes deiscentes e de coloração laranja-clara), possuem sementes que são extraídas do arilo por pássaros, as quais são descartadas, uma por uma, em vez de serem engolidas. Alguns maracujás nativos de áreas secas, como *P. arida* (Mast & Rose) Killip, *P. colimensis* Mast. & Rose e *P. pilosa* DC., têm frutos pequenos, esverdeados, perfumados e suculentos, que caem no chão e são consumidos por pequenos mamíferos. Por último, existem os frutos 6-angulosos de *P. goniosperma* Killip e *P. pusilla* J. M. MacDougal, que se partem liberando sementes de arilo seco, os quais não se sabe se são dispersos por formigas ou pássaros (ULMER; MACDOUGAL, 2004).

Apesar de a dispersão das sementes de *Passiflora* ser feita freqüentemente por aves, morcegos e pequenos mamíferos (roedores e marsupiais), os quais são atraídos pela coloração e pelo cheiro dos frutos (SEMIR; BROWN, 1975; KOEHLER-SANTOS et al., 2006), um dos principais agentes dispersores das passifloras é, sem dúvida, o ser humano.

A descoberta de sementes antigas de *Passiflora*, em sítios arqueológicos na América do Norte, forneceu fortes evidências do uso pré-histórico dos frutos por povos ancestrais dos atuais peles-vermelhas (GREMILLION, 1989). Sementes de *P. incarnata* ocorrem em muitos sítios arqueológicos nos Estados Unidos, em períodos que vão desde 3500–800 a.C. até 1550–1800 d.C. (MCGUIRE, 1999). Os primeiros exploradores europeus na América do Norte noticiaram que índios da Virgínia e povos primitivos da Flórida consumiam frutos de *Passiflora* tanto cultivados quanto de origem silvestre (BEVERLEY, 1947 citado por DHAWAN et al., 2004).

Os exploradores europeus também consumiam frutos de *Passiflora*, além de terem citado o consumo pelos povos indígenas que as cultivavam (BRICKELL, 1968 citado por DHAWAN et al., 2004). Porém, antes da conquista

espanhola do continente americano, os povos do Velho Mundo não conheciam nada a respeito desses frutos. Os povos das Américas chamavam e ainda chamam as plantas de *Passiflora* por vários nomes, tais como: a) *maracock* e *maypop*, na América do Norte; b) *merécuya*, no Caribe; c) *curuba* ou *tacso*, nos Andes; d) *mburucujá* (guarani) e *múrucuya* (tupi), na América do Sul (originado de *murú* e *cuya*, que significam refeição e recipiente, respectivamente). Os espanhóis, por considerarem os frutos semelhantes a pequenas romãs, os denominaram *granadillas* (KUGLER; KING, 2004).

Entre os primeiros relatos sobre as passifloras no continente europeu, está aquele realizado por Cieza de León em seu livro datado de 1553. Segundo Kugler e King (2004), o trabalho de Cieza é considerado uma das mais notáveis produções literárias da época da conquista espanhola das Américas. Em sua passagem pela América do Sul, Cieza permaneceu no Peru, que, naquela época, compreendia um território que atualmente pertence à Colômbia. Entre seus relatos, estão descritas as províncias, a localização de cidades e os costumes dos povos indígenas. No capítulo que trata das áreas sob jurisdição da cidade de Cali, é descrita uma área onde são cultivadas árvores frutíferas e, entre essas árvores, é mencionada uma trepadeira que produz um fruto considerado delicioso e perfumado, chamado *granadilla*. Conforme Kugler e King (2004), a espécie referida por Cieza é provavelmente *P. ligularis*, uma vez que ela ainda é cultivada e encontrada, silvestre, do México à Bolívia, e, atualmente, também é chamada de *granadilla*.

Em 1569, o médico espanhol Nicolás Monardes publicou trabalho cujo tema eram as plantas medicinais usadas nas Índias Ocidentais (KUGLER; KING, 2004). Esse foi o mesmo trabalho em que, pela primeira vez, foram descritas, em detalhes, as folhas de coca e de tabaco. Monardes nunca veio às Américas e o conhecimento que possuía acerca dos remédios desse continente foi obtido por meio daqueles que retornavam do Novo Mundo e do estudo

dos produtos naturais que eram importados. Na segunda edição desse livro, menciona-se que a *granadilla* é uma planta que cresce selvagem nas montanhas do Peru, com aparência semelhante à romã (*granada* em espanhol), com sementes que, quando secas, lembram as sementes de pêra, cuja polpa esbranquiçada é sem sabor. Monardes relatou que, quando maduro, o fruto é preenchido por um líquido de sabor ligeiramente cortante e por sementes, e, para consumi-los, é necessário abri-los como se fossem ovos, e então sorver o seu conteúdo. O suco da *granadilla* é referido como usado tanto por índios quanto por espanhóis para o tratamento de intestino preso. O hábito da planta é comparado ao de uma hera, e ela é descrita como elegante quando carregada de frutos. Ao descrever as flores de *granadilla*, Monardes diz que são grandes e comparáveis a uma rosa branca, com caracteres florais que aparentam ter sido cuidadosamente feitos para representar a Paixão de Cristo. Dessa forma, Monardes foi o primeiro a prover uma descrição curta da *granadilla* e a relacionar os caracteres das flores com as marcas da Paixão de Cristo. Tal descrição deu início ao simbolismo e ao misticismo reiterado pela Igreja Católica, ao ser utilizado como ferramenta auxiliar no processo de catequização e conversão dos índios ao Cristianismo.

A associação da morfologia floral das flores dos maracujás a cenas da Paixão de Cristo resultou no nome popular que foi adotado para essas plantas em vários países fora do centro de origem. Dessa forma, as flores do gênero são conhecidas como *passion fruit* nos países de língua inglesa, *passionsblumen* na Alemanha, *passiebloem* nos Países Baixos, *fiore della passione* na Itália, *flor de la pasión* na Espanha, e as denominações para os frutos são *fruit de la passion* em francês e *passionfruit* em inglês, por exemplo. Mais tarde esse nome foi oficializado na nomenclatura científica, por Lineu, por meio da denominação latina *Passiflora* (*passio* = paixão e *flos* = flor).

O jesuíta espanhol José de Acosta mencionou, em *História natural e moral das Índias* (1590), que a flor da *granadilla* é admirável e apresenta as marcas da Paixão de Cristo, por

ser possível observar nela os seguintes elementos: os cravos, a coluna, os flagelos, a coroa de espinhos e as chagas. A respeito do fruto, chamado *granadilla*, diz-se que é comido e bebido. Além disso, menciona o fato de ser doce, ou até doce demais, segundo alguns.

Em 1602, foi publicado em Lisboa, por Martin del Barco-Centenera, o poema épico *Argentina e a conquista do Rio da Prata com outros acontecimentos dos Reinos do Peru, Tucumã e do Estado do Brasil*. O poema versava acerca das peculiaridades desses locais e também narrava diversos fatos fantásticos. As *granadillas* são citadas, assim como são creditadas à flor referências de cunho religioso, por intermédio da relação de suas estruturas com os doze apóstolos, a coroa de espinhos e os três cravos com que prenderam Jesus Cristo à cruz.

O Capitão John Smith, famoso por causa do romance vivido com a princesa índia Pocahontas, escreveu em seu diário, em 1608, que os índios plantavam *maracocks*, uma fruta selvagem parecida com um limão, que produzia indefinidamente, começando a amadurecer em setembro e continuando até o fim de outubro. Esses *maracocks* eram possivelmente *P. incarnata* L.

Em 1608, jesuítas espanhóis, sob ordem de Juan Romero, presentearam o Papa Paulo V (Camollo Borghese, 1552–1621, papa desde 1595) com exsiccatas e com uma imagem em cores de uma *Passiflora*. Entre 1609 e 1610, três representações figurativas de passifloras foram produzidas na Europa. Depois de 1609, muitos folhetos com reproduções desses desenhos estavam disponíveis na Itália e na Alemanha, divulgando a planta. Os caracteres morfológicos nesses desenhos foram transformados em imagens pictóricas, de forma que o simbolismo com a Paixão de Cristo fosse evidenciado. Essas representações reforçavam os caracteres divinos atribuídos à planta, embora os caracteres morfológicos fossem incongruentes com a morfologia original.

Bosio produziu uma revisão detalhada dos eventos entre 1608 e 1609. Ele descreveu a flor em detalhes e atribuiu

novas associações entre as cenas da Paixão de Cristo e os caracteres morfológicos da planta. Como consequência, em pouco tempo, surgiu uma demanda por passifloras, creditadas como plantas miraculosas, as quais foram rapidamente estabelecidas nos jardins e estufas da Europa.

Os ilustradores Giovan Fabri e Fabio Colonna, ambos membros da Accademia dei Lincei, cujo lema era resolver incertezas na representação da natureza por meio do uso de olhos afiados como os de um lince, representaram de forma fiel e independente, flores de *P. incarnata*. Como consequência da existência dessas ilustrações, e, atendendo a um pedido para pôr fim ao misticismo associado às flores-da-paixão, foi publicado em 1620, pelo médico Pietro Castelli (sob o pseudônimo de Tobias Aldinus), um panfleto mostrando as duas ilustrações de *P. incarnata*. Ilustrações similares foram publicadas mais tarde em um livreto de Castelli, no qual ele declarou:

[...] eu não vejo nem cruz, nem lança, nem coroa de 72 espinhos nesta flor, isso é pura ficção. Através da minha imaginação, eu poderia encontrar os símbolos da Paixão em qualquer flor (KUGLER; KING, 2004).

Em 1622, antes do estabelecimento do sistema binomial de nomenclatura científica de Lineu, Georgius A. Turre descreveu uma espécie cultivada como *granadilla pumila fl. paruo luteo* (maracujá anão, com pequenas flores amarelas, atualmente *P. lutea*). O nome em espanhol *granadilla* foi utilizado pela primeira vez com o sentido de um epíteto genérico. Além dessa, outras 18 espécies de *Passiflora* foram colocadas nesse grupo. A partir daí, várias outras espécies foram descritas e, em muitos casos, novos simbolismos foram criados. Depois disso, em 1633, o sacerdote jesuíta e botânico Giovanni B. Ferrari sumarizou a história da *granadilla* e descreveu em detalhes a conexão simbólica do que denominou *Milagre da Índia Ocidental*, além de fornecer notas sobre o cultivo.

Para o Brasil, a primeira referência ao maracujá data do ano de 1587, no *Tratado descritivo do Brasil*, no qual é mencionado

como “erva que dá fruto”. Em 1627, frei Vicente de Salvador, sacerdote jesuíta português que vivia na Bahia, escreveu que a flor do maracujá era, além de formosa, misteriosa, pois possuía três pequenas hastes semelhantes aos cravos com que Jesus Cristo foi pregado na cruz e, logo abaixo, outras cinco pétalas rodeadas de uma coroa roxa, simboliza as cinco chagas e a coroa de espinhos.

Em 1648, sobre as passifloras que encontraram durante suas jornadas no Brasil, Georg Marc Grav von Liebstad e Willem Piso escreveram que as palavras indígenas *murucujá* e *murucuyá* eram termos coletivos para espécies que eles descreveram e ilustraram, entre elas *P. alata*, *P. filamentosa*, *P. laurifolia*, *P. edulis*, *P. cincinnata* (possivelmente *P. serratodigitata*) e *P. suberosa*.

Em 1737, Lineu utilizou o termo latino *Passiflora* (flor da paixão), já utilizado anteriormente por outros botânicos, para identificar o gênero e, mais tarde, tornou a usá-lo no estabelecimento do sistema de nomenclatura binária. Nesse trabalho, Lineu considerou a existência de 24 espécies para o gênero, baseado, sobretudo, em um trabalho anterior de seu discípulo Johann G. Hallman, que descreveu 22 espécies. Esse processo descritivo e de catalogação das espécies perdura até hoje com a estimativa da existência de 525 espécies com representantes no Novo e no Velho Mundo (ULMER; MACDOUGAL, 2004).

Com o reconhecimento das diferentes espécies, tiveram início as hibridizações. Os três primeiros híbridos obtidos em ordem cronológica foram: *P. x violacea* (*P. x caeruleo-racemosa*), *P. x belotii* (*P. alato-caerulea*) e *P. x colvillii* (*P. incarnata x P. caerulea*). Nesses três híbridos, *P. caerulea* foi o doador de pólen. Da mesma forma que a descrição de novas espécies, a produção de híbridos interespecíficos em *Passiflora* é um processo em continuidade. Hoje são reconhecidos e registrados mais de 300 híbridos (ULMER; MACDOUGAL, 2004).

Conforme Kugler e King (2004), o interesse atual em *Passiflora* está mostrado no surgimento de livros, duas revistas e dois grupos de discussão on-line direcionados ao gênero.

A princípio, coletados e cultivados pelos povos pré-colombianos por causa do interesse nos frutos comestíveis, os maracujás exerceram fascínio e foram disseminados mundialmente pelos povos europeus, principalmente, em virtude do uso medicinal, da beleza e do misticismo creditado às flores. Nas últimas décadas, o uso medicinal e a produção de frutos atraíram novamente a atenção do ser humano para as passifloras.

As passifloras foram utilizadas por anos na medicina popular, como atestam os registros históricos e, atualmente, possuem um crescente e importante lugar na medicina moderna. Embora diversas espécies sejam usadas, *P. incarnata* obtém destaque como a espécie medicinal mais importante economicamente no mercado internacional. Existem extensas áreas dessa espécie sob cultivo em Belize, no Brasil, na Colômbia, na Guatemala, na Índia e, particularmente, nos Estados Unidos. Poucas espécies têm sido investigadas química ou clinicamente, e a preferência da indústria farmacêutica por *P. incarnata* em detrimento de outras espécies é devida, principalmente, à tradição de uso dessa espécie e a fatores diversos que limitam a bioprospecção das demais espécies (MACDOUGAL; FEUILLET, 2004).

Apesar de cultivados há muito anos, como testemunham os registros arqueológicos, foi somente no século 20 que a produção de maracujás, *granadillas* e *curubas* conquistou espaço na economia globalizada, deixando de ser produtos restritos aos mercados regionais. Nas últimas décadas, a cultura do maracujá, tanto do roxo (*Passiflora edulis* Sims) quanto do amarelo (*Passiflora edulis* Sims forma *flavicarpa* Deg.), atingiu importância econômica significativa no Brasil e no mercado internacional de frutas tropicais (ROSSI, 1998). Os pomares brasileiros de maracujá estão baseados em *P. edulis*, forma *flavicarpa*, em virtude da qualidade, do vigor e da produtividade dos seus frutos (MELETTI; BRUCKNER, 2001). O Brasil tem destaque como principal produtor, com cerca de 90 % da produção mundial, seguido do Peru, da Venezuela, da África do Sul, do Sri Lanka e da Austrália. Além

desses países, outros como Quênia, Colômbia, Equador e Costa Rica possuem cultivos expressivos (BAHIA, 2006). O maracujazeiro-amarelo é cultivado em quase todo o território nacional, e os principais produtores são os seguintes estados: Pará, Bahia, Sergipe, São Paulo, Rio de Janeiro e Minas Gerais (PIZA JÚNIOR, 1998).

O cultivo do maracujá-amarelo (*P. edulis* Sims forma *flavicarpa*) é recente comparado ao da maioria das outras plantas cultivadas, mesmo assim não existe certeza de sua origem, e várias são as hipóteses que tentam explicá-la, visto que essa forma não ocorre na natureza. Conforme Vanderplank (1991), a origem do maracujá-amarelo é obscura e sua posição taxonômica discutível. Esse autor supõe que o germoplasma cultivado teve origem em poucos frutos encontrados nos mercados de Londres, cujas sementes foram enviadas à Argentina, de onde foram multiplicadas e enviadas ao USDA em 1915, e redistribuídas para Austrália e Nova Zelândia. Outra hipótese é a de que tenha surgido de um cruzamento natural entre *P. edulis* e *P. ligularis*, ou se originado por meio de mutação em uma população selvagem no Brasil ou em uma população cultivada na Austrália. Populações naturais do maracujá-roxo (*P. edulis* Sims forma *edulis*), o parente silvestre mais proximamente relacionado com o maracujá-amarelo, ocorrem em regiões tropicais de altitude no Sudeste do Brasil e no nordeste da Argentina e no Paraguai.

Os programas mais antigos de melhoramento do maracujá-amarelo são os do Havaí e da Austrália. No Brasil, o melhoramento do maracujá é recente e realizado pela Embrapa e pelo Instituto Agrônomo de Campinas. Os principais objetivos buscados são: resistência a doenças, aumento da produtividade e homogeneidade dos frutos (peso, tamanho, grau Brix e durabilidade pós-colheita). A auto-incompatibilidade é um entrave para a produção de cultivares e representa altos custos nos tratamentos culturais em áreas deficientes de polinizadores, requerendo o uso de polinização manual. Enquanto em muitos países o maior entrave ao melhoramento do maracujá é a base

genética estreita decorrente da introdução de germoplasma a partir de poucas sementes, no Brasil, o principal obstáculo é o desconhecimento do gigantesco banco genético de *Passiflora* que existe no País e precisa ser coletado, identificado e caracterizado morfológicamente, molecularmente e agronomicamente. Faltam informações sobre as espécies cultivadas e, mais ainda, sobre os parentes silvestres. Além disso, a degradação da vegetação original causa uma perda irreparável de genes de interesse para futuros programas de melhoramento.

Referências

AKAMINE, E. K.; GIROLAMI, G. **Pollination and fruit set in the yellow passion fruit**. Honolulu: University of Hawaii, 1959. 44 p. (University of Hawaii. Agricultural Experiment Station. Technical Bulletin, 39).

BAHIA. Secretaria da Agricultura, Irrigação e Reforma Agrária. **Cultura – Maracujá**. Bahia. Disponível em: <<http://www.seagri.ba.gov.br/Maracuja.htm>>. Acesso em: 7 jul. 2006.

CAMILLO, E.; GARÓFALO, C. A. On the bionomics of *Xylocopa frontalis* (Olivier) and *Xylocopa grisescens* (Lepeletier) in southern Brazil. I. Nest construction and biological cycle. **Revista Brasileira de Biologia**, São Carlos, v. 42, p. 571-582, 1982.

CAMILLO, E. Polinização do maracujazeiro. In: SIMPÓSIO SOBRE A CULTURA DO MARACUJAZEIRO, 2., 1978, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: Faculdade de Ciências Agrícolas e Veterinárias de Jaboticabal, 1978. p. 32-39.

DEGINANI, N. B. Las especies argentinas del género *Passiflora* (Passifloraceae). **Darwiniana**, San Isidro, v. 39, p. 43-129, 2001.

DHAWAN, K.; DHAWAN, S.; SHARMA, A. *Passiflora*: a review update. **Journal of Ethnopharmacology**, Amsterdam, v. 94, p. 1-23, 2004.

ENDRESS, P. K. **Diversity and evolutionary biology of tropical flowers**. Cambridge: Cambridge University Press, 1994. 511 p.

FEUILLET, C.; MACDOUGAL, J. M. A new infrageneric classification of *Passiflora* L. (Passifloraceae). **Passiflora**, [S.l.], v. 14, n. 1, p. 34-38, 2003.

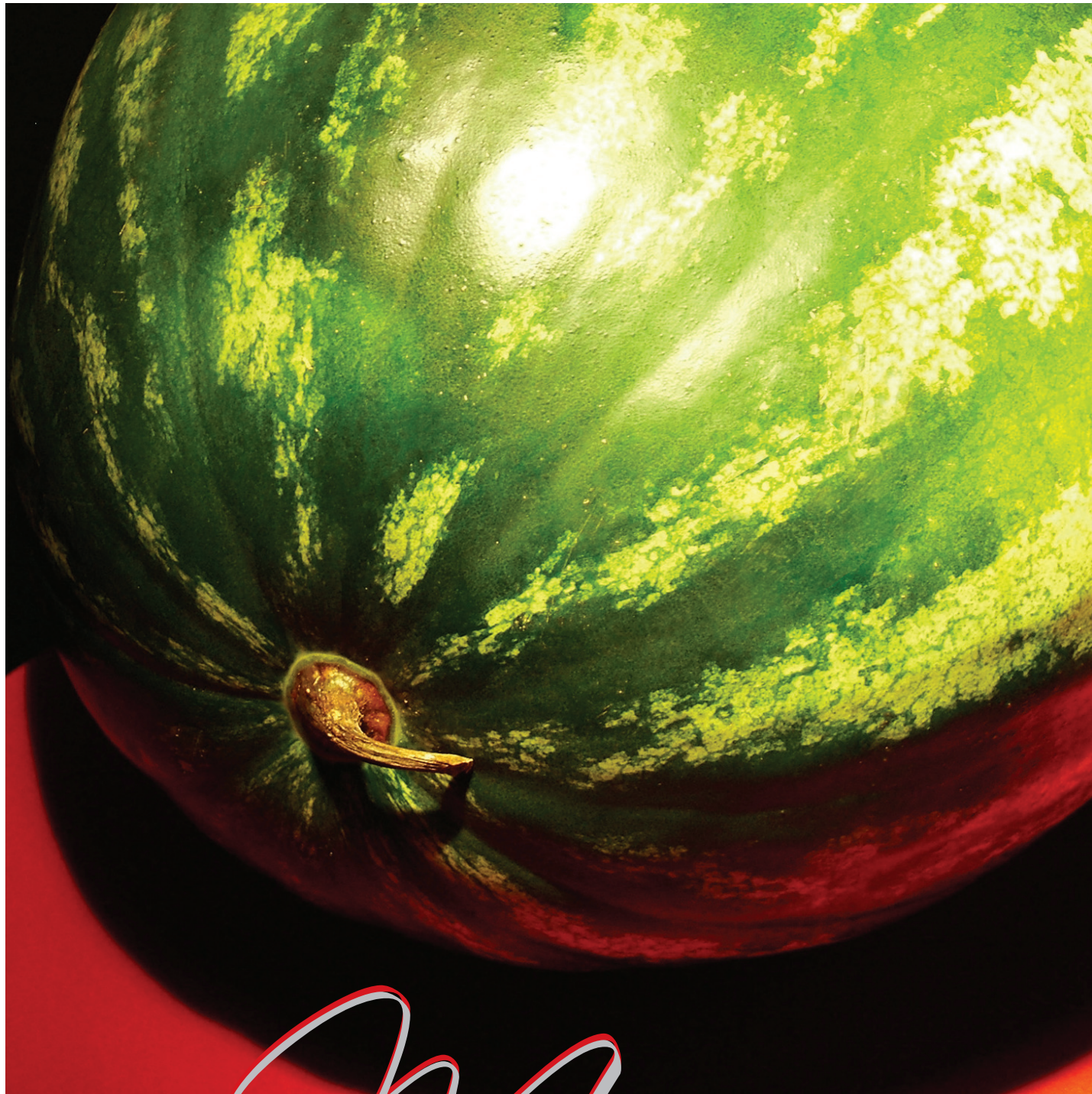
GILBERT, L. E. Biodiversity of a central American *Heliconius* community: pattern, process and problems. In: PRICE, P. W.; LEWINSOHN, T. M.; FERNANDES, G. W.; BENSON, W. W. (Ed.). **Plant & animal interactions: evolutionary ecology in tropical and temperate regions**. New York: J. Wiley, 1991, p. 403-427.

GILBERT, L. The coevolution of a butterfly and a vine. **Scientific American**, New York, v. 247, n. 2, p. 110-121, 1982.

GREMILLION, K. J. The development of a mutualistic relationship between humans and maypops (*Passiflora incarnata* L.) in the southeastern United States. **Journal of Ethnobiology**, Gainesville, v. 9, p. 135-155, 1989.

- HALLÉ, R. **In praise of plants**. Portland: Timber, 2002. 334 p.
- HAMMER, L. H. The Pollinators of the Yellow Passionfruit - Do they Limit the Success of *Passiflora edulis* f. *flavicarpa* as a Tropical Crop? **Proceedings of the Annual Meeting of the Florida State Horticulture Society**, Orlando, v. 100, p. 283-287, 1987.
- HURD JUNIOR, P. D. **An annotated catalog of the carpenter bees (Genus *Xylocopa*) of the Western Hemisphere (Hymenoptera:Anthophoridae)**. Washington: Smithsonian Institution, 1978. 106 p.
- JUDD, W. S.; CAMPBELL, E. A.; KELLOG, E.A.; STEVENS, P. F. **Plant systematics: a phylogenetic approach**. Sunderland: Sinauer associates, 1999. 465 p.
- KILLIP, E. P. The American species of Passifloraceae. **Publication of Field Museum of Natural History, Botanical Series**, Chicago, v. 19, n. 1, p. 5-613, 1938.
- KOEHLER-SANTOS, P., LORENZ-LEMKE, A. P., SALZANO, F. M.; FREITAS, L. B. Ecological-evolutionary relationships in *Passiflora alata* from Rio Grande do Sul, Brazil. **Brazilian Journal of Biology**, São Carlos, v. 66, n. 3, p. 809-816, 2006.
- KOSCHNITZKE, C.; SAZIMA, M. Biologia floral de cinco espécies de *Passiflora* L. (Passifloraceae) em mata semidecídua. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 20, n. 2, p. 119-126, 1997.
- KUGLER, E. E.; KING, L. A. A brief History of the passioflower. In: ULMER, T.; MACDOUGAL, J. M. *Passiflora: passionflowers of the world*. Portland: Timber, 2004. p. 15-26.
- MACDOUGAL, J. M.; FEUILLET, C. Systematics. In: ULMER, T.; MACDOUGAL, J. M. *Passiflora: passionflowers of the world*. Portland: Timber, 2004. p. 27-31.
- MACDOUGAL, J. M. Revision of *Passiflora* subgenus *Decaloba* section *Pseudodysosmia* (Passifloraceae). **Systematic Botany Monographs**, Ann Arbor, v. 41, p. 1-146, 1994.
- MCGUIRE, C. M., *Passiflora incarnata* (Passifloraceae): a new fruit crop. **Economic Botany**, New York, v. 53, p. 161-176, 1999.
- MANICA, I. **Fruticultura tropical: maracujá**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1981. 160 p.
- MELETTI, L. M. M.; BRUCKNER, C. H. Melhoramento genético. In: BRUCKNER, C. H.; PICANÇO, M. C. (Ed.). **Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria e mercado**. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2001. 465 p.
- MELO, N. F.; CERVI, A. C.; GUERRA, M. Karyology and cytotoxicity of the genus *Passiflora* L. (Passifloraceae). **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 226, p. 69-84, 2001.
- MORAWETZ, W. Remarks on karyological differentiation patterns in tropical wood plants. **Plant Systematics Evolution**, Vienna, v. 152, p. 49-100, 1986.
- MUSCHNER, V. C., BONATTO, S. L., SALZANO, F. M.; FREITAS, L. B. Divergence time and evolutionary rates in *Passiflora*. **Systematic Botany**, Oshkosh, 2006b. No prelo.
- MUSCHNER, V. C. **Filogenia molecular, taxas evolutivas, tempo de divergência e herança organelar em *Passiflora* L. (Passifloraceae)**. 2005. 162 f. Tese (Doutorado em Genética e Biologia Molecular) – Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.
- MUSCHNER, V. C., LORENZ, A. P., CERVI, A. C., BONATTO, S. L., SOUZA-CHIES, T. T., SALZANO, F. M.; FREITAS, L. B. A first molecular phylogenetic analysis in *Passiflora* (Passifloraceae). **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 90, p. 1.229-1.238, 2003.
- MUSCHNER, V. C., LORENZ-LEMKE, A. P., TOGNI, P. D., CERVI, A. C., BONATTO, S. L., SALZANO, F. M.; FREITAS, L. B. Phylogenetic relationships among *Passiflora* (Passifloraceae) species: molecular data strengthen a new taxonomic proposal for subgenera. **Systematic Biology**, Philadelphia, 2006a.

- OLIVEIRA, J. C.; FERREIRA, F. R.; RUGGIERO, C.; NAKAMURA, K. Caracterização e avaliação de germoplasma de *Passiflora edulis*. In: CONGRESSO BRASILEIRO FRUTICULTURA, 9. , 1988, Campinas. **Anais...** Campinas, SP: Sociedade Brasileira de Fruticultura, 1988. v. 2. p. 591-596.
- PIZA JÚNIOR, C. T. **Maracujá: do plantio à colheita**. Jaboticabal: Funep, 1998. 387 p.
- RAVEN, P. H. The bases of angiosperm phylogeny: cytology. **Annals of Missouri Botanical Garden**, Saint Louis, v. 62, p. 724-764, 1975.
- ROSSI, A. D. Comercialização do maracujá. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DO MARACUJAZEIRO, 5., 1998, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: FUNEP, 1998. p. 279-290.
- RUGGIERO, C. **Estudos sobre a floração e polinização do maracujá amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg.)**. 1973. 92 f. Tese (Doutorado em Ciências) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal.
- RUGGIERO, C.; LAM-SANCHEZ, A.; MIGUEL, S. Estudos sobre a fertilidade de grãos de pólen de maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg.). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 3., 1975, Rio de Janeiro. **Anais...** Campinas: Sociedade Brasileira de Fruticultura, 1976. v. 2. p. 515-519.
- SAZIMA, M.; SAZIMA, I. Bat-pollination of the passion flower, *Passiflora mucronata*, in Southeastern Brazil. **Biotropica**, Baton Rouge, v. 10, n. 2, p. 100-109, 1978.
- SEMIR, J.; BROWN JUNIOR, K. S. Maracujá: a flor da paixão. **Revista Geográfica Universal**, Rio de Janeiro, v. 2, p. 41-47, 1975.
- SNOW, N.; MACDOUGAL, J. M. New chromosome reports in *Passiflora* (Passifloraceae). **Systematic Botany**, Oshkosh, v. 18, n. 2, p. 261-273, 1993.
- SOUZA, M. M.; PALOMINO, G.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; VIANA, A. P. Flow cytometric analysis of genome size variation in some *Passiflora* species. **Hereditas**, Lund, v. 141, n. 1, p. 31-38, 2004.
- SOUZA, V. C.; LORENZI, H. **Botânica sistemática**. Nova Odessa: Instituto Plantarum, 2005. 640 p.
- STOREY, W. B. Chromosome numbers of some species of *Passiflora* occurring in Hawaii. **Pacific Science**, Honolulu, v. 4, p. 37-42, 1950.
- ULMER, T.; MACDOUGAL, J. M. **Passiflora: passionflowers of the world**. Portland: Timber, 2004. 437 p.
- VANDERPLANK, J. **Passion flowers**. London: Cassel, 1991. 76 p.
- VANDERPLANK, J. **Passion flowers**. 2. ed. Massachusetts: Cambridge, 1996. 224 p.
- VARASSIN, I. G.; TRIGO, J. R.; SAZIMA, M. The role of nectar production, flower pigments and odour in the pollination of four species of *Passiflora* (Passifloraceae) in south-eastern Brazil. **Botanical Journal of Linnean Society**, Oxford, v. 136, p. 139-152, 2001.
- VARASSIN, I. G., SILVA, A. G. Melitofilia em *Passiflora alata* Dryander (Passifloraceae), em vegetação de restinga. **Rodriguésia**, Rio de Janeiro, v. 50, n. 76/77, p. 139-152, 2001.
- VASCONCELOS, M. A. **Biologia floral do maracujá-doce (*Passiflora alata* Dryand) nas condições de Botucatu**. 1991. 98 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Área de Horticultura) – Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual de Botucatu, 1991.
- YOCKTENG, R.; NADOT, S. Phylogenetic relationships among *Passiflora* species based on the glutamine synthetase nuclear gene expressed in chloroplast (ncpGS). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, Amsterdam, v. 31, n. 1, p. 379-96, 2004.
- YOUNG, B. R. Identification of passionflowers in New Zealand (Dicotyledones: Passifloraceae). **Records of the Auckland Institute and Museum**, Auckland, v. 7, p. 143-169, 1970.



Melancia

História africana de dar água na boca

Foto: Emerson Ferreira





Melancia¹

Roberto Lisbôa Romão
José Geraldo de Aquino Assis
Manoel Abílio de Queiroz

A história evolutiva de espécies cultivadas, em especial o processo de domesticação, permite compreender a variabilidade genética existente, sua estruturação nas populações e a sua relação com espécies próximas. No caso específico da melancia, que pertence a um gênero com poucas espécies, sobre as quais a domesticação aparentemente exerceu fortes pressões seletivas, uma variabilidade expressiva é encontrada provavelmente em virtude de sua ampla e antiga dispersão como cultura e do tipo de manejo utilizado pelos agricultores. O estudo de populações brasileiras oferece interessante análise sobre a dinâmica

¹ Os autores agradecem ao professor Paulo Sodero Martins, *in memoriam*, a contribuição em sua formação como pesquisadores da evolução de plantas, bem como o exemplo de sua disponibilidade para empreender estudos com espécies diversas, sempre com o foco na evolução. Sem dúvida, a convivência com o professor Sodero, seu apoio, seu estímulo e sua boa vontade em responder perguntas surgidas, além do entusiasmo com que sempre recebeu os resultados juntos obtidos e discutidos, foram imprescindíveis para a publicação deste capítulo. Na oportunidade, prestam-lhe também uma homenagem por ter sido o primeiro estudioso a divulgar os resultados dos trabalhos iniciais sobre a evolução de melancia para além da Região Nordeste.

evolutiva da espécie e mostra as possibilidades de exploração do germoplasma de uma cultura exótica, germoplasma esse existente no Brasil.

A melancia tornou-se uma cultura de importância no agronegócio brasileiro, pois, em 2005, a safra foi de 1.774 t, em uma área de 80.240 ha (IBGE, 2006). Consideradas as perdas por causas diversas, estimadas em cerca de até 30 % para várias frutas e hortaliças, e um preço médio final de R\$ 0,30 por quilograma de fruto em feiras livres, mercados e supermercados, chega-se a um valor bruto da produção estimado em mais de R\$ 350 milhões. A produção é feita tanto por pequenos e médios produtores, quanto por meio da produção empresarial, principalmente para exportação. A produção brasileira de melancia está distribuída entre as regiões Sul (34,3 %), Nordeste (30,1 %), Sudeste (14,9 %) e Norte (11,9 %).

Este capítulo analisará a variabilidade genética da melancia pela perspectiva evolutiva, assim como as ações de conservação de germoplasma e a utilização dessa variabilidade em programas de melhoramento.

Origem, diversidade taxonômica e relações filogenéticas

A melancia pertence ao gênero *Citrullus* e à família Cucurbitaceae, e tem como centro de origem a África. Vem sendo cultivada desde os tempos pré-históricos, como revelam as pinturas encontradas no Egito, e consta também na antiga literatura árabe, em sânscrito e espanhol (COSTA; PINTO, 1977; MOHR, 1986). Atualmente apresenta grande distribuição em todo o mundo e é considerada cosmopolita. No Brasil, tem um papel significativo na agricultura em várias regiões do País.

O gênero *Citrullus* é classificado como parte da divisão Magnoliophyta, da classe Magnoliopsida, da subclasse

Dilleniidae, da ordem Violales e da família Cucurbitaceae. No gênero *Citrullus*, estão incluídas quatro espécies: *Citrullus lanatus*, *C. colocynthis*, *C. ecirrhosus* e *C. rehmii* (JARRET; NEWMAN, 2000; DANE; LANG, 2004).

A espécie cultivada é *Citrullus lanatus* (Thumb.) Matsum e Nakai. Inclui a melancia cultivada *C. lanatus lanatus*, de ampla distribuição mundial, e *C. lanatus* var. *citroides*, uma forma silvestre encontrada no sul da África e cultivada em outras partes do mundo, principalmente para alimentação animal. É anual, de hábito rasteiro e com ramificações sarmentosas. As folhas são divididas em três ou quatro pares de lóbulos e com margens não crespas. É monóica, ou seja, com flores masculinas e femininas na mesma planta. Contudo, algumas populações são andromonóicas, com flores hermafroditas e masculinas na mesma planta. As flores femininas e hermafroditas apresentam ovário súpero em formato similar à forma final do fruto. Os frutos variam no formato, no tamanho, na cor, na espessura da casca, na cor da polpa e na cor das sementes (WHITAKER; DAVIS, 1962; MOHR, 1986).

Três subespécies de *C. lanatus* são reconhecidas: a) *lanatus*; b) *vulgaris* com duas variedades, var. *vulgaris* e var. *cordophanus*; c) *mucospermus*. Numa classificação ecofisiológica baseada em região de cultivo, morfologia e anatomia da folha, índices fisiológicos das folhas (capacidade de retenção de água) e tipo sexual da planta, a espécie foi agrupada em: variedades russas, asiáticas e ocidentais (FURSA, 1981).

A espécie *C. colocynthis* (L.) Schrad. ocorre no norte e no sudoeste da África e na Ásia, onde se encontram duas raças distintas. Uma dessas é encontrada na costa do Mediterrâneo e em Israel, e a outra nos desertos de Negev e Sinai. Essa espécie é perene, com folhas pilosas, cinzentas, com margens crespas e lóbulos estreitos; frutos pequenos, com cerca de 20 cm de diâmetro e casca fina, de cor verde, verde-clara ou amarelo-clara quando maduros, e com polpa branca, esponjosa, compacta e de sabor amargo (ZAMIR et al., 1984).

A espécie *C. ecirrhosus* Cogn., endêmica do deserto da Namíbia é similar à *C. colocynthis*, porém bem distinta desta última no tamanho e no mosqueado dos frutos e nas folhas, as quais são mais divididas, cobertas com pêlos finos e densos e com margens fortemente recurvadas; não possui gavinhas; tem polpa branca e amarga e as flores são formadas apenas no segundo ano (MEEUSE, 1962).

A espécie *C. rehmi* De Winter é também encontrada no deserto da Namíbia, sendo anual, monóica e rasteira. As partes vegetativas são espinhosas com pêlos eriçados, e as folhas apresentam pecíolos espinhosos com três a cinco lóbulos profundos. As flores, por sua vez, são solitárias, axilares, amarelas e pediceladas. Essa espécie habita principalmente superfícies pedregosas e areno-pedregosas, e é similar à *C. ecirrhosus*. Difere das outras espécies por apresentar fruto mosqueado rosa-salmão em um fundo verde-escuro (DE WINTER, 1990).

Marcadores cpDNA e seqüências ITS foram utilizados para estudos das relações filogenéticas entre as quatro espécies, e confirmaram a origem monofilética do gênero. As análises de cpDNA mostraram dois principais clados, um dos quais com *C. colocynthis*, e o outro, *C. rehmi* associada a *C. lanatus* e a *C. ecirrhosus*. A proximidade de *C. rehmi* à melancia cultivada foi confirmada nas análises de regiões ITS (DANE; LANG, 2004; DANE et al., 2004).

Apesar de *C. colocynthis* mostrar-se a mais distante entre as espécies do gênero em relação à melancia cultivada, a hibridação interespecífica entre elas já foi observada na natureza e também em trabalhos de melhoramento genético. Híbridos interespecíficos com as demais espécies também já foram obtidos (SHIMOTSUMA, 1960; SINGH, 1978; FULKS et al., 1979; HERRINGTON et al., 1986).

Citogenética

Todas as espécies de *Citrullus* são diplóides com número cromossômico $2n=22$. Em variedades cultivadas de

C. lanatus, os cromossomos apresentam tamanho total entre 39,7 μm e 42,2 μm , variando o dos cromossomos de 1,25 μm a 2,9 μm (TRIVEDI; ROY, 1970), dos quais nove pares são submetacêntricos e dois metacêntricos. Em *C. lanatus* var. *citroides* (melancia forrageira), encontrada no Brasil, o tamanho total dos cromossomos foi superior ao de *C. lanatus* var. *lanatus*, apresentando 44 μm , e cromossomos variando de 1,45 μm a 2,28 μm , dos quais cinco são pares submetacêntricos e seis metacêntricos (ASSIS, 1994). A tendência de ocorrer um número maior de cromossomos com centrômero submediano em tipos não cultivados, quando comparados a tipos cultivados, também foi demonstrada em estudos cariotípicos no gênero *Cucumis* (Cucurbitaceae) e em outras espécies (SINGH; ROY, 1974).

Em melancia forrageira, foram observadas células com número diplóide ($2n=22$) e tetraplóide ($2n=44$) no mesmo tecido meristemático. Tal fato, conhecido como mixoploidia ou polissomaticismo, foi observado em outras cucurbitáceas (*Cucurbita maxima*, *Cucumis melo*, *Luffa aegyptica* e *Cucurbita pepo*), e é considerado comum nessa família (ASSIS, 1994).

Diversidade no sistema reprodutivo

Em relação ao sistema reprodutivo, a melancia cultivada tem sido considerada uma espécie alógama. São verificadas, no entanto, altas porcentagens de autofecundações naturais em populações andromonóicas cultivadas em casa-de-vegetação. Dessa forma, em condições de campo, as populações andromonóicas podem apresentar um sistema misto de reprodução, uma vez que podem ocorrer tanto autofecundação das flores hermafroditas quanto cruzamento via pólen oriundo de outra planta. De fato, já se encontrou população segregante para expressão sexual apresentando 53,5 % de plantas monóicas e 46,5 % de plantas andromonóicas; e, logo, um sistema misto de reprodução com taxa de autofecundação natural de 0,235 (FERREIRA et al., 2000; 2002).

Domesticação da melancia

A domesticação da melancia resultou de mudanças na morfologia, na fisiologia, na diversidade genética e na adaptação da espécie. As principais mudanças envolveram a eliminação de amargor e a cor de polpa (NAVOT et al., 1990). Os frutos das espécies silvestres de *Citrullus* são caracterizados por polpa branca e sabor extremamente amargo. Esse amargor, presente também em outras espécies de cucurbitáceas, é causado pela alta concentração de uma substância chamada cucurbitacina glicosídeo ou colocintina e é controlada por um gene dominante (*Bi*) sobre o caráter não amargo. A cor vermelha da polpa é influenciada por um gene recessivo (*red*), mas parece também ser influenciada por outros genes, envolvendo efeito epistático (ROBINSON et al., 1976; MOHR, 1986). Essas características foram as mais importantes no processo de domesticação e passaram por forte pressão seletiva, pelo fato de os genes estarem em ligação, ou seja, os genes estão fisicamente próximos, no mesmo cromossomo (NAVOT et al., 1990).

Apesar de os estudos moleculares apontarem para maior proximidade filogenética com *C. rehmii* ou *C. ecirrhosus*, os relatos da domesticação sugerem que a melancia cultivada teria como ancestral direto *C. colocynthis*, e a domesticação teria ocorrido no Egito, por volta de 2000 a.C. (MOHR, 1986). Recentemente, sementes de melancia foram encontradas num sítio arqueológico da Líbia, datando de 5 mil anos (WASYLIKOWA; VEEN, 2004).

No ano 800, a melancia foi introduzida na Índia e, em 1100, na China. Na Europa, a introdução ocorreu durante a conquista da Espanha e houve registros nos anos de 961 e de 1158. Seu cultivo disseminou-se pelo resto da Europa, e ela passou a ser amplamente cultivada em pequena escala após 1600. Durante a colonização da América, a melancia foi introduzida pelos espanhóis na América do Norte, em 1629, e, no Brasil, pelos escravos africanos, a partir de meados do século 16 (WHITAKER; DAVIS, 1962; ROMÃO, 2000; LEVI et al., 2001a).

Introdução antiga e recente da melancia no Brasil

O germoplasma de melancia foi introduzido no Brasil em duas épocas distintas e originou-se de duas situações bem diferenciadas em termos de manejo de germoplasma. A primeira ocorreu há mais de 350 anos, e foi proveniente diretamente do centro primário de origem e diversidade – o continente africano –, e envolveu materiais de base genética ampla, cultivados por agricultores familiares em diferentes regiões da África. Esse germoplasma foi trazido para o Brasil durante o tráfico de escravos (1551–1857) (Fig. 1). Posteriormente, na década de 1950, foi introduzido no Estado de São Paulo germoplasma de melancia proveniente dos Estados Unidos e do Japão, de base genética mais estreita, uma vez que era resultante de programas de melhoramento desses países (COSTA; PINTO, 1977; WHITAKER; DAVIS, 1962; ROMÃO, 2000).

Esse germoplasma tem sido cultivado no Brasil, ao longo dos anos, em duas condições contrastantes, uma delas realizada nas diversas áreas cultivadas do Nordeste brasileiro pelos agricultores familiares, na agricultura dependente de chuvas e na ausência de agroquímicos, com populações locais (etnovariedades) plantadas uma vez por ano. As variedades americanas e japonesas, por sua vez, fazem parte da produção tecnificada com alta utilização de insumos, inicialmente praticada no centro-sul do Brasil e, posteriormente, também em outras regiões do País (QUEIRÓZ et al., 1999a; ROMÃO, 2000).

O tráfico de escravos foi praticado continuamente no Nordeste do Brasil desde o século 16, e o número total de escravos introduzidos pode ter chegado a 18 milhões. Embora grupos de africanos de diferentes procedências tenham sido introduzidos, os dois maiores contingentes foram de sudaneses e de bantos (RODRIGUES, 1982; VERGER, 1987; SALDANHA, 1989; DE LAUGHE et al., 1994-1995). Na África, as áreas onde

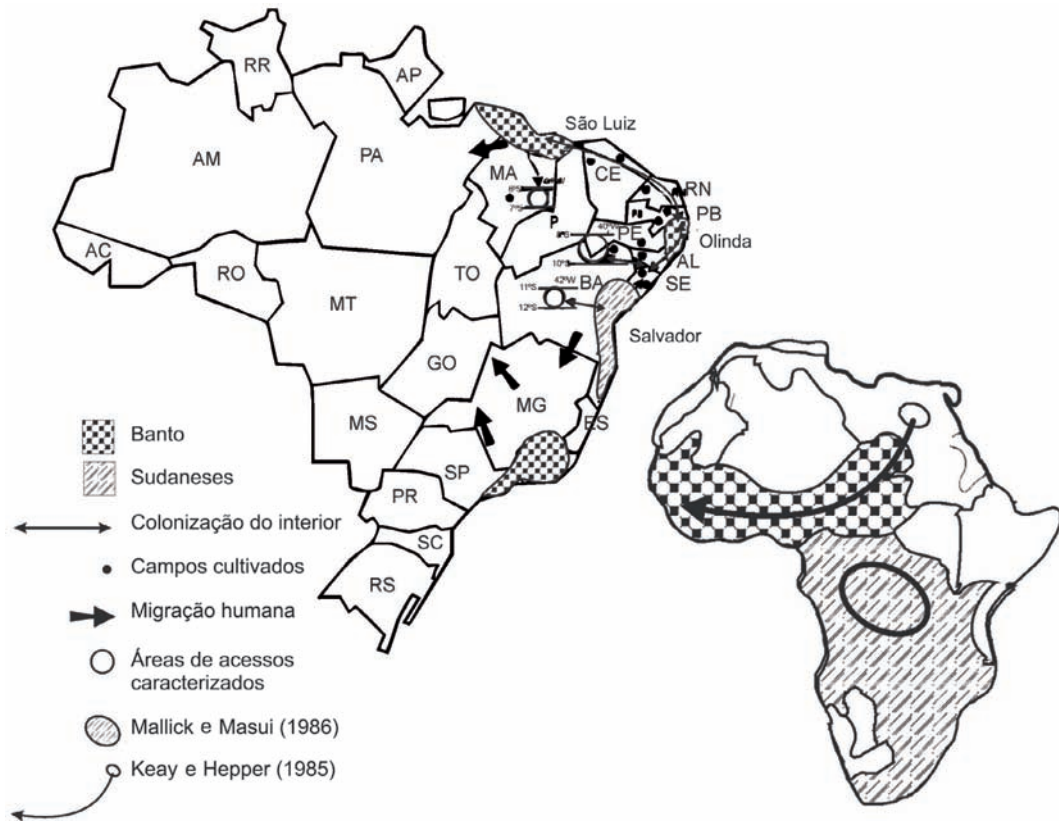


Fig. 1. Fluxo migratório dos acessos introduzidos da África, no Brasil; principais grupos africanos introduzidos; e centros de origem da melancia na África.
 Fonte: Keay e Hepper (1985); Mallick e Masui (1986).

esses grupos viviam coincidem com as maiores indicações de centros de origem da melancia (KEAY; HEPPEL, 1985; MALLICK; MASSUI, 1986). Pode-se assumir, portanto, que muitas etnovarietades africanas de diferentes procedências, principalmente das áreas dos sudaneses e de bantos, foram introduzidas na costa do Nordeste brasileiro. Uma vez que, na nova terra, a melancia foi incorporada na dieta comum e cultivada, o tamanho das populações de melancia deve ter crescido rapidamente, o que provavelmente minimizou as pressões natural e humana sobre a cultura (ROMÃO, 2000). Em tal situação, a sobrevivência de mutantes espontâneos e recombinantes raros são mais prováveis que o usualmente observado nas fases iniciais de domesticação (PICKERSGILL; HEISER, 1976; PICKERSGILL, 1998).

No início do período colonial (século 16), as maiores concentrações populacionais no Brasil estavam confinadas na área costeira, nas áreas próximas às plantações de cana-de-açúcar, onde o germoplasma introduzido era cultivado nas hortas das senzalas (ANDRADE, 1980; VERGER, 1987). Hibridização entre diferentes etnovariedades foi possível pelo cultivo na mesma área, possivelmente na mesma horta da senzala. Esse processo pode ter ocorrido inúmeras vezes durante o longo período de tráfico de escravos. De acordo com Pickersgill (1998), situações dessa natureza podem dar lugar ao aparecimento de novos segregantes e recombinantes, cujo aparecimento nos centros de origem das amostras de germoplasma de melancia, seria de outra maneira improvável.

Finalmente, o processo de expansão da colonização adentrou o continente (Fig. 1), chegando à região semi-árida, ao longo do Rio São Francisco (PORTO, 1964; ANDRADE, 1980). A comunicação e os negócios entre os assentamentos no sertão e os habitantes das áreas costeiras tornaram-se intensos, permitindo que novas amostras de germoplasma de melancia trazidas da costa chegassem à região semi-árida. Nesse novo ambiente, populações de melancia estiveram sujeitas a novas pressões de seleção, tanto humanas quanto ambientais, as quais podem ter possibilitado o surgimento e a manutenção de novas variantes.

A variabilidade genética trazida do continente africano, aliada ao processo de manejo da cultura na agricultura tradicional da região, tornou o Nordeste brasileiro um centro secundário de diversidade da melancia (ROMÃO, 2000).

Roças dos agricultores como unidades de evolução

No Nordeste do Brasil, a melancia está presente em diferentes agroecossistemas. Três sistemas principais podem ser considerados. No primeiro sistema observado, plantas de

melancia subespontâneas, que surgem próximas às casas e nas áreas de cultivo, são mantidas e colhidas para consumo da família e de pequenos animais domésticos. No segundo sistema, plantas de melancia são semeadas para consumo da família, e o excedente, se há, é comercializado. No terceiro sistema agrícola, as melancias são cultivadas para ser comercializadas (QUEIRÓZ et al., 1999a).

Nos dois primeiros sistemas, nos quais os agricultores consomem as melancias no campo, é favorecida a seleção para sementes com dormência, uma vez que esta permite que as sementes caídas no solo formem um banco. A dormência é vantajosa, visto que parte das sementes só germinará em um novo período chuvoso. Assim, esses sistemas tendem a contribuir para fixação de genes que inibam a germinação.

No terceiro sistema, os agricultores tendem a selecionar tipos específicos, particularmente frutos, que tenham qualidade para o mercado consumidor, o que atua de maneira que diminua a variabilidade nos campos. Entretanto, melancias espontâneas germinam próximo aos campos cultivados e podem possibilitar o fluxo gênico, introduzindo genes no sistema conduzido para o mercado. Recombinantes podem, desse modo, adicionar alguma variabilidade genética neste último sistema.

O manejo do germoplasma pelos agricultores familiares também é um importante componente do processo evolutivo. É muito comum que os agricultores reservem parte das sementes para os próximos cultivos, o que tende a diminuir a variabilidade, já que as plantas com características comerciais são favorecidas. Em alguns casos, os agricultores são incentivados a substituir as suas variedades tradicionais, como tem acontecido no distrito de Massaroca (Juazeiro, BA), em alguns locais do Piauí e, mais fortemente, em Arari, MA, onde as autoridades incentivavam um festival anual, no qual novas variedades são exibidas, e sementes são distribuídas para futuros plantios.

Entretanto, os agricultores geralmente trocam sementes de materiais de melancia por duas razões principais: a) pela curiosidade de conhecer novos materiais, diferentes plantas e tipos de frutos; b) para substituir materiais que foram perdidos por danos causados por pragas, por doenças ou por seca durante o cultivo. O intercâmbio de sementes implica migração entre os campos dos agricultores, o que pode contribuir não somente para adicionar nova variabilidade genética em cada unidade agrícola, como também para reduzir as diferenças existentes entre as unidades (Fig. 2).

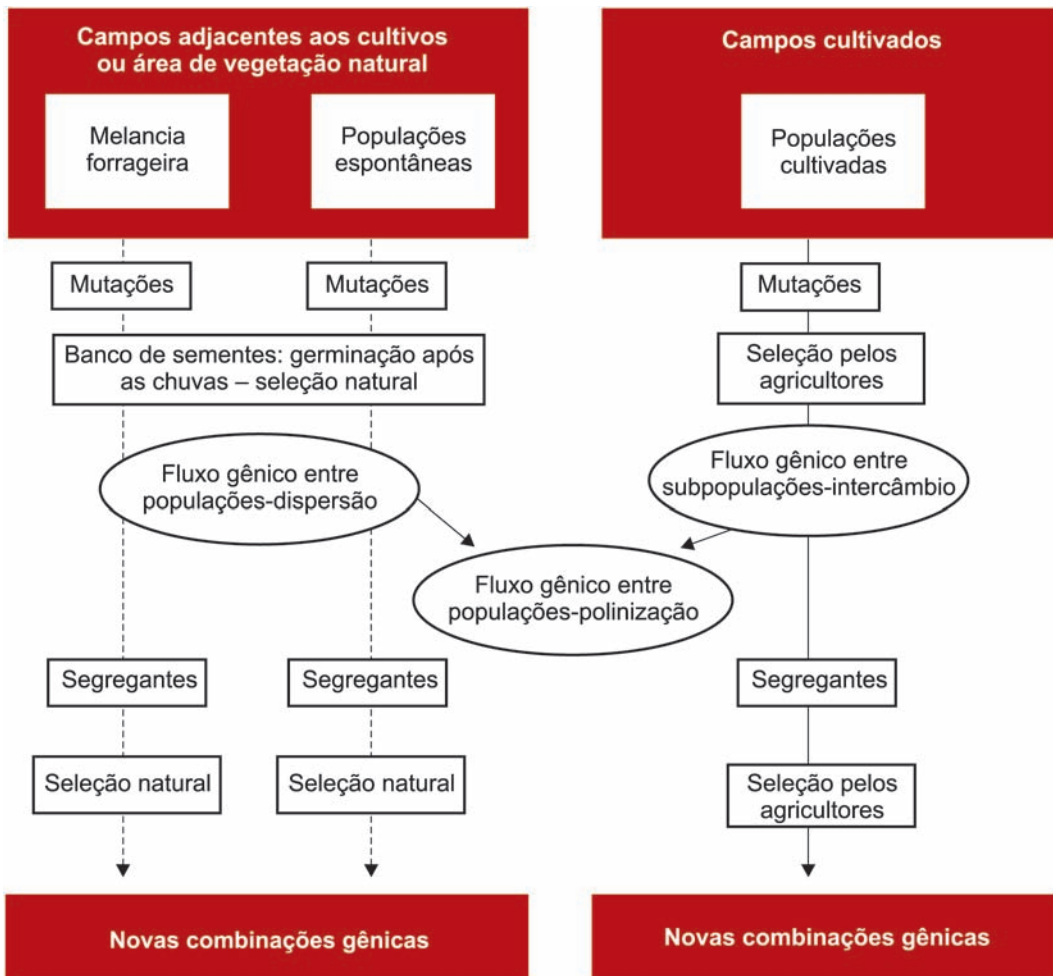


Fig. 2. Diagrama da dinâmica evolutiva de populações de melancia da agricultura tradicional no Nordeste do Brasil.

Fonte: Elaboração dos autores, a partir de Romão (2000).

Além disso, a diferenciação entre populações pode ser aumentada por meio da dispersão por animais silvestres, o que pode implicar efeito fundador. Do mesmo modo, contribui para isso o movimento das abelhas e o fluxo restrito de pólen (LOVELESS; HAMRICK, 1984).

O papel do banco de sementes do solo

Em entrevistas feitas com agricultores de diferentes localidades do Nordeste brasileiro, foi possível confirmar que as sementes de melancia podem permanecer dormentes no banco do solo por algum tempo, uma vez que plantas de melancia aparecem espontaneamente sem que sejam plantadas nos campos, tão logo se inicie a estação chuvosa. As sementes são deixadas em campos de cultivo previamente cultivados, e são também dispersas por animais silvestres como o lobo-guará, por exemplo, que faz furos nos frutos maduros e consome a polpa que contém sementes (QUEIRÓZ, 2004).

O banco de sementes é resultado da ação de diferentes fatores genéticos e ecológicos. Ele pode ser resultado de genes que facilitam a dispersão de sementes, tais como o gene explosivo, que causa a abertura do fruto, permitindo que as sementes caiam no solo em campo, e os genes causadores de dormência. Essa dormência foi observada em algumas populações de melancia do Nordeste brasileiro. Entre os fatores ecológicos, se encontram o consumo dos frutos pelos agricultores como fonte de água (permitindo que as sementes sejam deixadas no campo) e o consumo de frutos por animais silvestres e domésticos (ROMÃO, 2000).

Melancia forrageira

Entre as melancias espontâneas, existe um tipo morfológicamente distinto, que tem várias denominações locais

em diferentes regiões do País, tais como: melancia-de-cavalo, melancia-abóbora e melancia-de-porco. Esse tipo, no entanto, está sendo popularizado no Nordeste brasileiro como melancia forrageira, em virtude de seu uso para alimentação animal. Trata-se de planta anual com grandes frutos, algumas vezes com cerca de 50 cm de comprimento por 30 cm de diâmetro, com polpa insípida, embora tenham outros formatos em diferentes regiões do País (ASSIS et al., 1994). Com base em estudos envolvendo eletroforese de isoenzimas, proteínas de sementes e dados de fertilidade de híbridos, Assis et al. (2000) concluem que a melancia-de-cavalo é muito mais relacionada à espécie *C. lanatus* que à *C. colocynthis*, e a consideram como *C. lanatus* var. *citroides*.

Variabilidade genética

As populações tradicionais encontradas nos estados do Nordeste do Brasil serviram de base para a criação de banco ativo de germoplasma de cucurbitáceas da Embrapa Semi-Árido (BAGC) e parte desse germoplasma foi caracterizado (QUEIRÓZ et al., 1999b). Os resultados obtidos nas caracterizações desses materiais, associados a estudos semelhantes desenvolvidos no exterior (PRASAD et al., 1988; RAJENDRAN; THAMBURAJ, 1994), indicam que existe grande variabilidade nas populações mantidas pelos agricultores familiares e hoje conservadas nos bancos de germoplasma (FERREIRA; ROMÃO, 2005).

Grande variabilidade morfológica foi encontrada em relação às características da planta e de fruto. Diversos genes com alelos alternativos são conhecidos e explicam parte da variabilidade genética observada. Desde a primeira lista de 25 genes apresentada para melancia (ROBINSON et al., 1976), a maioria relacionada a caracteres de sementes e frutos, os trabalhos nessa área têm sido muito prolíficos. A mais recente lista, que apresenta 52 genes e 11 marcadores moleculares, foi produzida por Guner e Whener (2003) e revisada em 2007 por Whener (2007).

Como observado em experimentos de caracterização morfológica, cerca de 85 % dos caracteres incluídos na lista de genes para melancia foram detectados em acessos do BAGC. Além desses caracteres, outros não descritos na literatura foram observados nos materiais caracterizados do BAGC, tais como resistência à *Sphaerotheca fuliginea* e à *Alternaria* sp., frutos de casca amarela, alta prolificidade, entre outros. Alguns desses novos genes ou combinações parecem ter sobrevivido por causa das vantagens adaptativas em alguns ambientes do Nordeste do Brasil. De fato, a resistência à *Sphaerotheca fuliginea* foi verificada mais freqüentemente em áreas do Nordeste onde a pluviosidade varia de 400 mm a 500 mm, enquanto a resistência à *Didymella bryoniae* foi mais freqüente em locais com pluviosidade que varia de 1.300 mm a 1.600 mm (DIAS, 1993; QUEIROZ et al., 1994). A resistência à *Didymella*, assim como à *Fusarium*, foi encontrada em acessos de *C. lanatus* (DIAS et al., 1996) e *C. lanatus* var. *citroides* (LEVI et al., 2001b).

Alguns estudos de variabilidade genética em melancia têm usado marcadores isoenzimáticos ou marcadores de DNA (ZAMIR et al., 1984; LEE et al., 1996; LEVI et al., 2001a; 2001b). Os marcadores isoenzimáticos apresentam, em geral, pouco polimorfismo. Nas populações do Nordeste brasileiro, seis sistemas isoenzimáticos foram polimórficos: fosfatase ácida (ACP), esterase (EST), catalase (CAT), peroxidase (PER), fosfoglucoisomerase (PGI) e ácido málico (ME), e exibiram 13 locos gênicos, dos quais 10 eram polimórficos. Destes últimos, cinco mostraram padrões distintos entre as variedades cultivadas e as melancias forrageiras. Em muitas localidades onde essas melancias são encontradas, as cultivadas apresentaram indivíduos com padrões heterozigóticos, evidenciando um fluxo gênico (ASSIS et al., 2000).

O cultivo da melancia forrageira tem sido incentivado no Semi-Árido, considerando-se que essa espécie apresenta boa digestibilidade e resistência à limitação hídrica. O crescimento desse cultivo, em que populações tradicionais de melancia estão presentes, poderá intensificar a introgressão

entre esses dois conjuntos gênicos distintos, comprometendo a estrutura genética das variedades cultivadas. O mesmo fenômeno de introgressão foi detectado em germoplasma estudado nos EUA, utilizando-se marcadores de DNA (LEVI et al., 2001b).

A baixa variabilidade isoenzimática encontrada em melancia tem sido associada à mesma pressão seletiva no processo de domesticação que favoreceu alelos raros para cor de polpa e para sabor não amargo.

O principal fator de ameaça à variabilidade genética encontrada nas populações tradicionais é a substituição dessas por variedades melhoradas. Assim, muitos genes úteis para programas de melhoramento podem estar sendo perdidos. Ao contrário da de abóbora, nativa das Américas e cuja parte significativa da produção nacional parte do cultivo de variedades tradicionais, a produção de melancia no mercado nacional é quase exclusivamente representada por variedades melhoradas. As populações tradicionais estão restritas aos agricultores familiares.

Programa de melhoramento genético

Considerando-se a existência no Brasil de germoplasma de melancia com expressiva variabilidade, foi iniciado um programa de melhoramento visando aos seguintes objetivos: a) ampliar o resgate da variabilidade existente na agricultura tradicional; b) obter populações e linhagens com maior produtividade e com diferentes padrões de frutos, dando atenção a frutos de diferentes tamanhos, seja para as redes de supermercados, seja para a exportação; c) desenvolver resistência a doenças foliares, tais como oídio, causado por *Sphaerotheca fuliginea*; alternaria, causada por *Alternaria cucumerina*; e os potyvirus PRSV-w (vírus da mancha anelar do mamão, estirpe melancia), WMV (vírus do mosaico da melancia) e ZYMV (vírus da abobrinha); d) desenvolver resistência ao cancro das hastes (QUEIRÓZ et al., 2001).

Também foram obtidas progênes de melancias tetraplóides, as quais deram origem a diferentes híbridos triplóides experimentais (SOUZA et al., 1999; SOUZA, 2000).

Assim, existem linhagens e populações com diferentes graus de homozigose, as quais estão sendo trabalhadas na Embrapa Semi-Árido e na Embrapa Rondônia, além de avaliadas em diferentes ambientes, para que seja possível eleger algumas populações, a fim de que sejam liberadas como cultivares de polinização livre e com diferentes padrões de frutos. Também estão sendo avaliadas várias linhagens de melancia – muitas delas com vários ciclos de autofecundação – para síntese de híbridos com e sem semente e com diferentes padrões de frutos. Estes últimos ainda necessitam de avaliações mais amplas para a obtenção de sementes de boa germinação, as quais não apresentem altas taxas de sementes perfeitas em frutos triplóides. No entanto, estão sendo feitos vários cruzamentos entre linhas avançadas e fontes diversas de germoplasma, com vistas na busca de resistência a fungos de solo, tomando-se como base o trabalho desenvolvido por Dias (2003), feito em melão. No momento, o método vem sendo adaptado para a cultura da melancia, pois os fungos de solo representam um grande problema para o cultivo de melancia em condições irrigadas do Semi-Árido brasileiro.

Referências

- ANDRADE, M. C. de. **A terra e o homem no Nordeste**. São Paulo: Ciências Humanas, 1980. 278 p.
- ASSIS, J. G. de A.; ARAÚJO, S. M. C. de; QUEIROZ, M. A. de. Implications of the introgression between *Citrullus colocynthis* and *C. lanatus* characters in the taxonomy, evolutionary dynamics and breeding of watermelon. **Plant Genetic Resources Newsletter**, Rome, v. 121, p. 15-19, 2000.
- ASSIS, J. G. de A. **Estudos genéticos no gênero *Citrullus***. 1994. 99 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal.
- ASSIS, J. G. de A.; QUEIROZ, M. A. de; ARAÚJO, S. M. C. de; BANDEL, G.; Híbridação entre cultivares e uma população silvestre de melancia. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 12, p. 10-13, 1994.
- COSTA, C. P. da; PINTO, C. A. B. P. Melhoramento da melancia. In: COSTA, C. P. da; PINTO, C. A. B. P. **Melhoramento de hortaliças**. Piracicaba: ESALQ-USP, 1977. v. 2. cap. 8. p. 196-209.

- DANE, F.; LANG, P.; BAKHTIYAROVA, R. Comparative analysis of chloroplast DNA variability in wild and cultivated *Citrullus* species. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 108, n. 5, p. 958-966, 2004.
- DANE, F.; LANG, P. Sequence variation at cpDNA regions of watermelon and related wild species: implications for the evolution of *Citrullus* haplotypes. **American Journal Botany**, St. Louis, v. 9, p. 1.922-1.929, 2004.
- DE LAUGHE, E. A. L.; SWENNEN, R.; VUYLSTEEKE, D. Plantain in early Bantu world. **Azania**, Nairobi, v. 29-30, p. 147-160, 1994-1995.
- DE WINTER, B. A new species of *Citrullus* (Benincaseae) from the Namib desert, Namibia. **Bothalia**, Pretoria, v. 20, p. 209-211, 1990.
- DIAS, R. C. S. **Avaliação de acessos de melancia quanto a resistência à *Didymella bryoniae***. Recife, 1993. 140 f. Dissertação (Mestrado em Fitossanidade) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.
- DIAS, R. C. S. **Mejora de la resistencia al colapso del melón: control genético y desarrollo de líneas resistentes**. Valencia, 2003. 152 f. Tese (Doutorado em Biotecnologia) – Universidad Politécnica de Valencia, Valencia.
- DIAS, R. C. S.; QUEIRÓZ, M. A. de; MENEZES, M. Fontes de resistência em melancia à *Didymella bryoniae*. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 14, n. 1, p. 15-18, 1996.
- DIAS, R. de C. S.; ARAÚJO, J. P. de; QUEIRÓZ, M. A. de. Resistência de populações de *Citrullus lanatus* ao oídio (*Sphaerotheca fuliginea*). **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 7, n. 1, p. 52, 1989.
- FERREIRA, M. A. J. F.; QUEIRÓZ, M. A.; VENCOVSKY, R.; BRAZ, L. T.; VIEIRA, M. L. C.; BORGES, R. M. E. Sexual expression and mating system of watermelon: implications in breeding programs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, n. 2, p. 39-48, 2002.
- FERREIRA, M. A. J. F.; ROMÃO, R. L. Recursos Genéticos da Melancia. In: LIMA; M. CRUZ. **Recursos genéticos de hortaliças: riquezas naturais**. São Luis: Instituto Interamericano de Cooperação para Agricultura, 2005. p. 117-135.
- FERREIRA, M. A. J. F.; VENCOVSKY, R.; VIEIRA, M. L. C.; QUEIRÓZ, M. A. Outcrossing rate and implications on the improvement of a segregating population of watermelon. **Acta Horticulturae**, Leuven, v. 510, p. 47-54, 2000.
- FULKS, B. K.; SCHEERENS, J. C.; BEMIS, W. P. Natural hybridization of two *Citrullus* species. **Journal of Heredity**, Buckeystown, v. 70, p. 214-215, 1979.
- FURSA, T. B. Intraspecific classification of water-melon under cultivation. **Kulturpflanze**, Berlin, v. 29, p. 297-300, 1981.
- GUNER, N.; WEHNER, T. C. Gene list for watermelon. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Maryland, v. 26, p. 76-92, 2003.
- HERRINGTON, M. E.; BROWN, P. J; CARR, A. R. Introgression as a source of bitterness in watermelon. **HortScience**, Alexandria, v. 21, p. 1237-1238, 1986.
- IBGE. Produção agrícola municipal. **Produção em toneladas e área em hectares**. Disponível em: < <http://www.sidra.ibge.gov.br>>. Acesso em: 10 mar. 2006.
- JARRET, R. L.; NEWMAN, M. Phylogenetic relationships among species of *Citrullus* and the placement of *C. rehmii* De Winter as determined by Internal Transcribed Spacer (ITS) sequence heterogeneity. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 47, n. 2, p. 215-222, 2000.
- KEAY, W. J.; HEPPER, F. N. Cucurbitaceae. In: KEAY, W. J.; HEPPER, F. N. **The flora of West Tropical Africa**. 2. ed. London: Royal Botanic Gardens, 1985. p. 570-574.

LEE, S. J.; SHIN, J. S.; PARK, K. W.; HONG, Y. P. Detection of genetic diversity using RAPD-PCR and sugar analysis in watermelon [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.] germplasm. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 92, p. 719-725, 1996.

LEVI, A.; THOMAS, C. E.; KEINATH, A. P. Genetic diversity among watermelon (*Citrullus lanatus* and *C. colocynthis*) accessions. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 48, n. 6, p. 559-566, 2001b.

LEVI, A.; THOMAS, C. E.; WEHNER, T. C.; ZHANG, X. Low Genetic Diversity Indicates the Need to Broaden the Genetic Base of Cultivated Watermelon. **HortScience**, Alexandria, v. 36, n. 6, p. 1.096-1.101, 2001a.

LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J. L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review Ecological Systematics**. Palo Alto, v. 15, p. 65-95, 1984.

MALLICK, M. F. R.; MASSUI, M. Origin, distribution and taxonomy of melons. **Scientific Horticulture**, London, n. 28, p. 251-261, 1986.

MEEUSE, A. D. The Cucurbitaceae of Southern Africa. **Bothalia**, Pretoria, v. 8, p. 1-111, 1962.

MOHR, H. C. Watermelon breeding. In: BASSET, M. I. (Ed.). **Breeding vegetables crops**. Westport: Avi, 1986. p. 33-66.

NAVOT, N.; SARFATTI, M.; ZAMIR, D. Linkage relationships of genes affecting bitterness and flesh color in watermelon. **Journal of Heredity**, Washington, v. 81, n. 2, p. 162-165, 1990.

PICKERSGILL, B. Crop introductions and the development of secondary areas of diversity. In: PRENDERGAST, H. D.; ETKIN, N. L. **Plants for food and medicine**. London: Royal Botanic Gardens Kew, 1998. p. 93-105.

PICKERSGILL, B.; HEISER, C. B. Cytogenetics and evolutionary change under domestication. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London**, London, v. 275, p. 55-69, 1976.

PORTO, J. C. Formação histórica do Nordeste. In: BANCO DO NORDESTE DO BRASIL (Fortaleza, CE). **Recursos e necessidades do Nordeste**. Fortaleza, 1964. p. 23-29.

PRASAD, L.; GAUTAM, N. C.; SINGH, S. P. Studies on genetic variability and character association in watermelon (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.). **Vegetable Science**, New Delhi, v. 15, n. 1, p. 86-94, 1988.

QUEIRÓZ, M. A.; DIAS, R. C. S.; FERREIRA, M. A. J. F.; SOUZA, F. F.; RAMOS, S. R. R.; ASSIS, J. G. A.; ROMÃO, R. L.; BORGES, R. M. E. Genetic resources and watermelon breeding at Embrapa Semi-Árido. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 1, n. 3, p. 301-312, 2001.

QUEIRÓZ, M. A.; DIAS, R. C. S.; RAMOS, S. R. R.; COSTA, M. S. V. Frequência de fontes de resistência à *Didymella bryoniae* em melancia em diferentes áreas do Nordeste brasileiro. In: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 10., 1994, João Pessoa. **Resumos...** João Pessoa: UFPB: SBG: EMBRAPA: CNPq, 1994. p. 106.

QUEIRÓZ, M. A.; DIAS, R. C. S.; SOUZA, F. F.; FERREIRA, M. A. J. F.; ASSIS, J. G. A.; BORGES, R. M. E.; ROMÃO, R. L.; RAMOS, S. R. R.; COSTA, M. S. V.; MOURA, M. C. C. L. Recursos genéticos e melhoramento de melancia no Nordeste brasileiro. In: QUEIRÓZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**. Versão 1.0. Petrolina: Embrapa Semi-Árido; Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1999a. Disponível em: <<http://www.cpatas.embrapa.br>>. Acesso em: 10 maio 2006.

QUEIRÓZ, M. A. Germplasm of Cucurbitaceae in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, n. 4, p. 377-383, 2004.

QUEIRÓZ, M. A.; RAMOS, S. R. R.; MOURA, M. C. C. L.; COSTA, M. S. V.; SILVA, M. A. S. Situação atual e prioridades do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de cucurbitáceas do Nordeste brasileiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 17, p. 25-29, 1999b. Suplemento.

- RAJENDRAN, P. C.; THAMBURAJ, S. Genetic variability in biometrical traits in watermelon (*Citrullus lanatus*). **Indian Journal of Agricultural Sciences**, New Delhi, v. 64, n. 1, p. 5-8, 1994.
- ROBINSON, R. W.; MUNGER, H. M.; WHITAKER, T. W.; BOHN, G. W. Genes of cucurbitaceae. **HortScience**, Alexandria, v. 11, n. 6, p. 554-568, 1976.
- RODRIGUES, N. **Os africanos no Brasil**. São Paulo: Ed. Nacional, 1982. 283 p. (Brasiliana, 6).
- ROMÃO, R. L. Northeast Brazil: a secondary center of diversity for watermelon (*Citrullus lanatus*). **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 47, p. 207-213, 2000.
- SALDANHA, P. H. Mistura de raças, mistura de genes. **Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 9, n. 50, p. 48-53, 1989.
- SHIMOTSUMA, M. Cytogenetical studies in the genus *Citrullus*. IV. Intra and inter-specific hybrids between *C. colocynthis* Schr. and *C. vulgaris* Schrad. **Japanese Journal of Genetics**, Tokyo, v. 35, p. 303-312, 1960.
- SINGH, A. K. Cytogenetics of semi-arid plants. III. A natural interspecific hybrid of Cucurbitaceae (*Citrullus colocynthis* Schrad x *C. vulgaris* Schrad). **Cytologia**, Tokyo, v. 43, p. 569-576, 1978.
- SINGH, A. K; ROY, R. P. Karyological studies in *Cucumis*. **Caryologia**, Florence, v. 27, p. 153-160, 1974.
- SOUZA, F. F. **Desenvolvimento e avaliação de híbridos triplóides de melancia *Citrullus lanatus* (Thunb) Matsum & Nakai**. Recife, 2000. 116 f. Dissertação,(Mestrado em Botânica) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.
- SOUZA, F. F., QUEIRÓZ, M. A.; DIAS, R. C. S. Melancia sem sementes: desenvolvimento e avaliação de híbridos triplóides experimentais de melancia. **Biotecnologia Ciência & Desenvolvimento**, Brasília, n. 9, p. 90-95, 1999.
- TRIVEDI, R. N.; ROY, R. P. Cytological studies in *Cucumis* and *Citrullus*. **Cytologia**, Tokio, v. 35, p. 561-569, 1970.
- VERGER, P. **Fluxo e refluxo do tráfico de escravos entre o Golfo do Benin e a Bahia de Todos os Santos dos séculos XVII a XIX**. São Paulo: Currupio, 1987. 718 p.
- WASYLIKOWA, K.; VEEN, M. van der. An archeobotanical contribution to the history of watermelon, *C. lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai (syn. *C. vulgaris* Schrad.). **Vegetation History and Archeobotany**, Berlin, v. 13, n. 4, p. 213-217, 2004.
- WEHNER, T. C. Gene list for watermelon. 2007. Disponível em: <<http://cuke.hort.ncsu.edu/cucurbit/wmelon/wmgenes/wmgenes.html>>. Acesso em: 21 jun. 2007.
- WHITAKER, T.W.; G. N. DAVIS. **Cucurbits: botany, cultivation and utilization**. New York: Interscience, 1962. 250 p.
- ZAMIR, D.; NAVOT, N.; RUDICH, J. Enzyme polymorphism in *Citrullus lanatus* and *C. colocynthis* in Israel and Sinai. **Plant Systematic and Evolution**, Vienna, v. 146, p. 163-170, 1984.



Milho

Uma cultura sob domínio humano

Foto: Rosa Lía Barbieri



Milho

José Fernandes Barbosa Neto
Tatiana de Freitas Terra
Paula Wiethölter
Noryam Bervian Bispo
Maria Jane Cruz de Melo Sereno

O estudo das culturas aumentará imensamente. Uma nova espécie criada pelo homem será, de longe, objeto de estudo mais importante e interessante do que a maioria das espécies acrescidas à infinitude daquelas já domesticadas (Adaptado de Darwin, 1859).

Seguindo-se a base evolutiva de Darwin, é provável que o milho (*Zea mays* subsp. *mays*) represente um forte candidato a ser o objeto de estudo acima mencionado, pois, atualmente, segundo Messing e Dooner (2006), ele ocupa a terceira posição entre as espécies mais estudadas, perdendo somente para o homem (*Homo sapiens*) e o rato (*Rattus* spp.). Em 2002, o milho foi cultivado em, aproximadamente, 139 milhões de hectares, ocupando o terceiro lugar entre as mais cultivadas no mundo (BENNETT, 2004). Em 2005–2006, foi cultivado no Brasil em cerca de 13 milhões de hectares, produzindo em torno de 42,5 milhões de toneladas (INDICADORES DA AGROPECUÁRIA, 2008). Na Região Sul do País, a produção de milho está fortemente voltada para a alimentação de aves e de suínos. Dessa forma, a lavoura de milho é de

extrema importância dentro do sistema de agroindústria brasileiro. Essa espécie apresenta importância fundamental não só por ser uma das principais fontes de alimento humano e animal, mas também por ter sido alvo de intensa pesquisa científica, a qual vem contribuindo para o aperfeiçoamento das técnicas empregadas em outras culturas de valor econômico.

As contribuições da pesquisa para essa espécie envolvem os estudos básicos de citogenética realizados por Bárbara McClintock (1929, 1930, 1931, 1932, 1933); de híbridos, feitos por East (1909, 1936); bem como os estudos evolutivos realizados por Doebley (DOEBLEY et al., 1984; DOEBLEY et al., 1990; DOEBLEY; STEC, 1991; DOEBLEY; STEC, 1993; DOEBLEY et al., 1994; DOEBLEY et al., 1995; DOEBLEY et al., 1997), entre muitos outros. Entretanto, apesar das intensas pesquisas realizadas por inúmeros grupos espalhados pelo mundo, ainda existem muitas dúvidas relacionadas à origem e à evolução do milho.

Os programas de melhoramento genético têm contribuído decisivamente para o aumento da qualidade e do rendimento de grãos na cultura do milho. Entretanto, para a constante elevação do potencial genético em novas variedades, é fundamental que a pesquisa produza, continuamente, populações com alta frequência de genes de interesse agrônomo. Em razão disso, o investimento em pesquisas relacionadas a estudos evolutivos (taxonomia, citogenética, origem, domesticação, genética, distribuição mundial e variabilidade) é um desafio para o melhoramento genético desse cereal.

Este capítulo aborda importantes descobertas científicas a respeito da evolução do milho, as quais têm sido decisivas na construção do cenário atualmente encontrado.

Taxonomia da tribo Maydeae

Uma complexa e extensa história evolutiva, aliada à adaptação a uma ampla variabilidade de ambientes,

contribui para as dificuldades de construção de um sistema taxonômico adequado (STEBBINS; CRAMPTON, 1961). Nessa perspectiva, encontra-se o milho, o teosinto e o *Tripsacum*, gêneros do Novo Mundo, pertencentes à tribo Maydeae, os quais possuem um histórico evolutivo e taxonômico extremamente conturbado.

O milho é taxonomicamente identificado como *Zea mays* L. subsp. *mays* (MACHADO; PATERNIANI, 1998; PATERNIANI; CAMPOS, 1999). Durante muitos anos, foi considerado uma espécie diplóide que teria evoluído por meio de seleção e de recombinações entre genótipos (MANGELSDORF, 1974; GALINAT, 1977; GOODMAN, 1978). Entretanto, existem evidências de que o milho possui uma origem alotetraplóide, tendo um número básico de cromossomos de $x=5$ (MOLINA et al., 1991; POGGIO et al., 1997; DOEBLEY et al., 1997; WHITE; DOEBLEY, 1998; GAUT et al., 2000). A existência de pareamento cromossômico durante a meiose de haplóides, a associação secundária de bivalentes e a distribuição tridimensional em metáfases somáticas (em que os cromossomos formam quatro grupos de cinco cromossomos cada) foram observações decisivas relacionadas com a descoberta da poliploidia na espécie (NARANJO et al., 1990; POGGIO et al., 2000). Além dessas observações, há ainda diversos fatores genéticos que serão discutidos ao longo deste capítulo indicando que, provavelmente, o milho tenha surgido a partir do teosinto.

O teosinto é fortemente relacionado com o milho. As decisões em relação à taxonomia de ambos são complicadas em virtude de relatos conflitantes sobre o número de segmentos cromossômicos que os distinguem. Existem fortes evidências genéticas e citogenéticas de que milho e teosinto são extremamente aparentados. Os dois possuem 20 cromossomos, os quais são homólogos, cruzam facilmente e resultam em indivíduos férteis, além de haver a possibilidade de introgressão de genes de um para o outro (PAABO, 1999; PATERNIANI; CAMPOS, 1999; WANG et al., 1999).

O teosinto compreende indivíduos anuais (*Zea mexicana*, *Zea parviglumis* e *Zea luxurians*) e perenes (*Zea diploperennis*), com números cromossômicos de $2n=20$ e $2n=40$. Entretanto, alguns pesquisadores têm sugerido que o teosinto deveria ser considerado como conspecífico com *Zea mays*, e classificam os teosintos como *Zea mays* subsp. *mexicana*, *Zea mays* subsp. *diploperennis*, *Zea mays* subsp. *parviglumis* e *Zea mays* subsp. *luxurians*. Milho e teosinto apresentam diferenças de origens agronômicas, das quais a maior está na arquitetura de suas inflorescências (GALINAT, 1971). Avaliações genéticas efetuadas em teosinto têm mostrado que o loco *tb1* do milho é o responsável pelas maiores diferenças morfológicas entre os dois, visto que, no processo evolutivo do milho, essas mudanças ocorreram por meio de pequenas alterações nesse loco (DOEBLEY; STEC, 1991).

Pesquisas científicas indicam que o gênero *Tripsacum* compreende espécies perenes, morfológicamente distintas, exibindo variados níveis de ploidia ($2n=36$, 54, 64 e 72). Essas espécies apresentam uma vasta área de distribuição (desde o Paraguai até o centro dos Estados Unidos). Existe grande variação na estatura das plantas, com indivíduos baixos e outros com tamanho muito superior ao do milho. Suas inflorescências diferem das do milho e do teosinto por estarem localizadas em afixos separados.

Citogenética

A junção dos conhecimentos das áreas da genética com a de citologia, denominada citogenética, é definida como a correlação da genética e das características cromossômicas. A citogenética estuda qualquer comportamento relativo aos cromossomos, bem como suas variações durante a transmissão (meiose). Mesmo com o advento das técnicas moleculares atuando no mapeamento e no seqüenciamento dos genomas, o uso de análises citogenéticas ainda é relevante (GILL; FRIEBE, 1998).

Análises pioneiras da morfologia dos cromossomos, realizadas por Bárbara McClintock (1929), demonstraram que os cromossomos de milho poderiam ser identificados na primeira mitose do micrósporo. Ainda nesse trabalho, a pesquisadora determinou a existência de *knobs* nos cromossomos – que posteriormente possibilitariam a classificação de diversas raças e variedades de milho por diferenciação em seu padrão. Em seguida, ficou evidenciado que a fase do paquíteno na meiose era a mais adequada para a análise dos cromossomos, por causa do seu estado menos condensado, permitindo a visualização de detalhes de sua morfologia. Em 1933, McClintock publicou o primeiro ideograma dos cromossomos paquitênicos, nos quais foram encontrados 11 *knobs*. Esse trabalho foi seguido por descrições detalhadas sobre a morfologia dos cromossomos de milho (RHOADES, 1955). A partir desses trabalhos, foi possível afirmar que os cromossomos do milho poderiam ser distinguidos por meio de: a) comprimento relativo; b) relação dos braços (índice que define a posição do centrômero); c) posição dos *knobs*; d) presença de determinados cromômeros mais evidentes; e) grau de heteropicnose em regiões adjacentes ao centrômero.

***Knobs* cromossômicos**

Os *knobs* têm sido descritos como estruturas celulares de natureza heterocromática, presentes no núcleo das células de milho, localizados em posições fixas dos cromossomos e com função ainda muito discutida. Quando presentes nos cromossomos, os *knobs* representam uma característica constante, e sua herança é tão precisa quanto à de um gene. Dessa forma, essas estruturas podem ser utilizadas como marcadores citogenéticos em diversas investigações. Seu reconhecido papel está relacionado à formação de fibras cromossômicas extras em ambas as anáfases da meiose, quando o cromossomo 10 anormal está presente. Contudo, as inúmeras observações e constatações efetuadas a seu

respeito evidenciam hoje que os *knobs* obedecem a padrões diversificados, os quais possibilitam correlacioná-los à origem do milho e de suas raças, à segregação de características agronômicas da cultura, além de ao cromossomo 10 anormal (AGUIAR-PERECIN, 1987). Análises da composição dos *knobs* têm sido amplamente discutidas, visando à resolução do problema da origem do milho (AGUIAR-PERECIN, 1987). Além disso, esses estudos também têm permitido desenvolver uma relação direta entre os *knobs* e determinados caracteres, como observado por Sachan e Nath (1994), que analisaram a relação entre o número de *knobs* com a elasticidade e a resistência das espigas em sete raças de milho. Os resultados indicaram que espigas macias e flexíveis estavam associadas com um baixo número de *knobs*, refletindo um baixo nível de introgressão de teosinto.

Cromossomos B

Os conjuntos cromossômicos do milho também se distinguem pela presença de cromossomos B, assim denominados por Randolph (1955), na intenção de diferenciá-los dos cromossomos A, do complemento normal. Os cromossomos B são diferentes dos elementos do complemento cromossômico normal (A), variando no número e no tamanho (geralmente são menores que os do complemento A). Além disso, também apresentam altos níveis de heterocromatização (AGUIAR-PERECIN, 1987). Segundo McClintock (1933), os cromossomos B não pareiam, na meiose, com segmentos dos cromossomos do grupo A, embora exibam pareamento não homólogo entre si.

Meiose

A meiose é um evento de alta estabilidade evolutiva. Em plantas alógamas, que apresentam uma heterozigiosidade

natural (como o milho), a meiose normal é garantida. Porém, se a heterozigosidade for quebrada pela endogamia, algumas anormalidades podem surgir com frequência. Muitas delas são causadas por mutações em genes ou em grupos de genes, que controlam cada fase da meiose. Sendo assim, a análise da divisão meiótica é importante em decorrência de uma série de fenômenos mecânicos e bioquímicos, de considerável complexidade, envolvidos no processo. O controle meiótico foi estudado por Golubovskya (1979), que descreveu mutantes meióticos (*mei*) naturais e induzidos, os quais afetavam muitas fases da meiose. Os mutantes *mei* podem induzir à esterilidade parcial ou completa dos grãos de pólen e/ou do óvulo. Entretanto, as mutações desse tipo não influenciam o desenvolvimento vegetativo das plantas e, dessa forma, não alteram seus fenótipos (GOLUBOVSKYA, 1989).

A microsporogênese do milho foi detalhadamente descrita por Chang e Neuffer (1989), que correlacionaram as conseqüências dos diferentes estádios do desenvolvimento, e diferentes agentes mutagênicos, com o desenvolvimento do pendão. Os estudos indicaram que mudanças morfológicas no comprimento do pendão, na flor e na antera estão diretamente relacionadas com seis estádios citologicamente definidos da microsporogênese, a saber: pré-meiose, meiose, estágio uninucleado, primeira mitose do pólen, segunda mitose do pólen e estágio de pólen maduro.

Alguns trabalhos têm descrito o comportamento das divisões mitóticas e meióticas no milho comum, com diferentes objetivos. Entre eles, Defani-Scoarize et al. (1996) analisaram a estabilidade meiótica em linhagens para o processo de desenvolvimento de híbridos, e observaram que é fundamental, embora dependa das características e do comportamento das combinações utilizadas. Análises citoplasmáticas em híbridos de milho-teosinto demonstraram a influência de um sobre o outro, para vários caracteres. Edwards et al. (1996) estudaram os efeitos do citoplasma do teosinto em caracteres quantitativos em duas linhagens de milho, e observaram que os genomas citoplasmáticos de

teosinto interagem com genomas nucleares de milho. Entretanto, os efeitos citoplasmáticos se mostraram menores e desfavoráveis no contexto de um programa de melhoramento de milho. Poggio et al. (1997) analisaram o comportamento meiótico e o conteúdo de DNA em linhas aloplásmicas de milho, no qual observaram que, ao combinar seus genótipos com o citoplasma do teosinto (*Zea mays* subsp. *mexicana*), vários caracteres herdáveis são afetados, resultando na modificação da estrutura e da função genômica.

Sendo assim, o entendimento da conexão evolutiva do milho com o teosinto em nível citogenético aumenta as possibilidades de uso do germoplasma do teosinto em hibridizações com o milho cultivado. Nesse procedimento, análises do comportamento meiótico das diferentes populações que serão introduzidas no programa de melhoramento são de importância fundamental, uma vez que constituirão blocos de cruzamentos que objetivarão aumentar o rendimento e a qualidade dos produtos a serem lançados no mercado.

Origem e domesticação

A idade estimada do milho é de 11 milhões de anos, e o seu surgimento teria resultado de um evento de poliploidização ocorrido após a divergência entre sorgo e milho, sendo considerado, portanto, um poliplóide antigo (GAUT et al., 2000). A verdadeira origem do milho ainda não foi completamente elucidada. Entretanto, várias hipóteses têm sido descritas, com o objetivo de desvendar os mistérios em torno da origem dessa espécie, tais como:

1) “Evolução divergente”, que sugere que o milho, o teosinto e o *Tripsacum* se originaram de um ancestral comum, tendo o *Tripsacum* se diferenciado antes do milho e do teosinto (WEATHERWAX, 1954).

2) Inclusão do *Tripsacum* na origem do milho, em virtude da presença dos *knobs*. Segundo Reeves e Mangelsdorf

(1942), o milho selvagem original era desprovido dessas estruturas e, ao ser hibridizado com o *Tripsacum* (que possui vários *knobs* terminais), resultou em um híbrido que se retrocruzou com o milho e deu origem ao milho cultivado. Dessa forma, os *knobs* que o milho e o teosinto possuem seriam originários do *Tripsacum*. Entretanto, uma série de autores discorda dessa teoria, principalmente em razão da disposição dos *knobs*, que, no *Tripsacum*, são terminais, enquanto no milho e no teosinto são intercalares (AGUIAR-PERECIN, 1987).

3) As diversas formas de milho indicariam uma evolução independente a partir de várias espécies ancestrais (GOODMAN, 1995). Entretanto, Matsuoka et al. (2002) discordaram dessa hipótese ao genotiparem, com micros-satélites, diversos genótipos de milho coletados entre o Canadá e o Chile.

4) Existem diversos trabalhos indicando que o genitor do milho seria *Zea mays* subsp. *mexicana* ou *Zea mays* subsp. *parviglumis*, ambos conhecidos como teosintos (GALINAT, 1977; GALINAT, 1992; WHITE; DOEBLEY, 1998; PAABO, 1999; PATERNIANI; CAMPOS, 1999; TAKAHASHI et al., 1999; WANG et al., 1999; PIPERNO; FLANNERY, 2001). Essas espécies apresentam alguns caracteres em comum, como o mesmo número de cromossomos ($2n=20$), além de serem capazes de cruzar com o milho resultando em descendentes férteis na geração F1 (GOODMAN, 1995), apesar de já terem sido identificadas algumas barreiras entre elas (EVANS; KERMICLE, 2001; TERRA, 2004). Essa hipótese é, atualmente, a mais aceita, em virtude da definição de que são cinco os genes responsáveis pelas principais diferenças relacionadas com a morfologia do teosinto e do milho (SZABO; BURR, 1996), a qual tem sido reforçada por evidências moleculares que comprovam haver uma relação de ligação entre esses locos.

5) A última hipótese sugere que o milho, após a sua formação, teria passado por inúmeras alterações gênicas, tornando impossível uma correlação positiva de ancestralidade com qualquer espécie próxima (TAKAHASHI

et al., 1999; POGGIO et al., 2000). Uma das explicações para esta última teoria pode estar relacionada com a intensa presença de elementos transponíveis no genoma do milho. Segundo Kidwell (2002), 60 % do genoma do milho é constituído por esses elementos, caracterizados como agentes móveis do genoma que apresentam a habilidade de induzir diversos rearranjos cromossomais, tais como deleções, duplicações, inversões e translocações recíprocas (ZHANG; PETERSON, 1999), o que pode ter contribuído significativamente para a intensa diferenciação do milho em relação aos seus verdadeiros genitores (WHITE; DOEBLEY, 1998).

Entretanto, embora existam dúvidas a respeito da origem do milho, do teosinto e do *Tripsacum*, as hipóteses em geral concordam que o *Tripsacum* teria divergido primeiro, e o milho e o teosinto teriam se diferenciado mais tarde. Atuais evidências botânicas e arqueológicas, bem como trabalhos de melhoramento de plantas, demonstram que o milho e o teosinto continuaram a evoluir desde aquela época. Além disso, muitas raças de milho parecem ter sofrido introgressão com o teosinto (WELLHAUSEN et al., 1952). De qualquer maneira, há evidências genéticas e citológicas bastante contundentes de que o teosinto e o milho são muito próximos, e de que um entrou na rota evolutiva do outro (DOEBLEY et al., 1997).

De fato, não há informação conclusiva a respeito da real origem do milho cultivado. As especulações são muitas e com vários enfoques diferentes, mas ainda não é possível afirmar a partir de que espécie o milho evoluiu, e talvez isso nunca possa ser feito. Por um lado, isso se deve à possibilidade de os seus genitores estarem extintos, e, por outro, à possibilidade de, após a sua domesticação, o milho ter se diferenciado tanto a ponto de não ser possível estabelecer nenhuma relação direta de sua ancestralidade com a de outra espécie. Pode-se afirmar, no entanto, que entre as espécies mais próximas do milho cultivado, *Z. mays* subsp. *parviglumis* é a que mais se relaciona a ele (MATSUOKA et al., 2002).

Já em relação à domesticação da espécie, existem evidências indicando que ela teria ocorrido entre 7 mil e 10 mil anos atrás (DOEBLEY et al., 1994; WHITE; DOEBLEY, 1998), efetuada por americanos nativos que, via intensa seleção, tornaram o milho o principal cultivo de importantes civilizações, como a dos astecas, a dos maias e a dos incas (GALINAT, 1992; MACHADO; PATERNIANI, 1998; PATERNIANI; CAMPOS, 1999). Sendo assim, é importante ressaltar que a domesticação do milho contribuiu efetivamente para o seu desenvolvimento evolutivo, como se a ação humana tivesse, aos poucos, moldado ou até mesmo construído uma espécie por meio da seleção de características importantes durante milhares de anos, o que resultou em uma espécie de grande importância econômica mundial, porém extremamente dependente do homem.

Mesmo que existam incertezas relacionadas à verdadeira origem dessa espécie, não há dúvidas de que o milho é um cereal americano (com origem no México). Áreas de cultivo dessa espécie são mencionadas desde o Paraguai até a Colômbia, na América do Sul, assim como na Guatemala e no México, nas Américas Central e do Norte. Além disso, no continente americano, encontram-se os seus parentes selvagens mais próximos: os teosintos e o *Tripsacum* (PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

Genética

O estreitamento genético observado entre teosinto e milho cultivado tem sido o foco principal de muitos estudos de genética e evolução. No entanto, uma das principais dúvidas concentra-se em determinar se a similaridade genética existente entre eles seria suficiente para concluir que o milho surgiu do teosinto num limite de tempo que varia de 6 a 10 mil anos atrás – quando a maioria das plantas cultivadas foi domesticada (DOEBLEY, 2004).

Os marcadores isoenzimáticos e moleculares baseados em proteínas e no DNA, respectivamente, têm possibilitado

definir o grau de parentesco genético entre milho e teosinto, pois dados dessa magnitude ampliam consideravelmente o leque de opções na busca de estimativas do tempo de divergência entre os dois.

Análises isoenzimáticas visando à determinação da variação existente em populações de milho e de teosinto indicaram que as espécies *Z. luxurians*, *Z. diploperennis* e *Z. perennis* são fortemente diferenciadas do milho (DOEBLEY; GOODMAN, 1984). *Z. mays* subsp. *mexicana* e *Z. mays* subsp. *parviglumis* apresentaram alta similaridade, de modo que a última foi a mais relacionada, evidenciando que esse teosinto (*parviglumis*) seja, possivelmente, o mais relacionado e, dessa forma, o provável ancestral da espécie cultivada. Nesse sentido, Matsuoka et al. (2002), utilizando análises de DNA, realizaram um estudo de diversidade em milho e teosinto, o qual sugeriu um único evento de domesticação para o desenvolvimento do primeiro. As análises filogenéticas baseadas nos locos microssatélites concordaram com os dados obtidos com isoenzimas e evidenciaram que, em um único evento de domesticação, *Z. mays* subsp. *mays* derivou de *Z. mays* subsp. *parviglumis*. Esse mesmo trabalho indicou que o tempo de divergência entre as duas espécies é de, aproximadamente, 9 mil anos, conforme sugerido por evidências arqueológicas apresentadas por Piperno e Flannery (2001).

No processo de domesticação das espécies, uma parte restrita do pool gênico do ancestral selvagem é usada para criação da espécie cultivada. Essa redução no tamanho original da população pode ocasionar uma perda de variabilidade genética da cultura relacionada a esse ancestral. No caso do milho, dados isoenzimáticos indicam uma perda de, aproximadamente, 25 % da variabilidade genética encontrada em *Z. mays* subsp. *parviglumis* (DOEBLEY, 1990). Essa perda, também analisada sob o ponto de vista do polimorfismo de seqüências de nucleotídeos, apresentou dados consistentes com os citados anteriormente, ou seja, houve perda de cerca de 30 % de variabilidade genética no milho (GOLOUBINOFF et al., 1993; HILTON; GAUT, 1998). O processo de perda de variabilidade

durante a domesticação do milho tem sido tratado como um “gargalo de garrafa” (*bottleneck*). Análises efetuadas com simulações sobre o tamanho populacional versus a severidade do *bottleneck* sugerem que uma comunidade humana relativamente pequena, de uma restrita área geográfica, poderia estar envolvida na domesticação do milho, resultando em um tamanho populacional original bastante modesto (HILTON; GAUT, 1998).

Com o advento de evidências citogenéticas da estreita relação entre milho e teosinto, houve um aumento no interesse do entendimento da herança das diferentes características morfológicas existentes entre eles. Admitindo a natureza dinâmica do genoma do milho com a atividade vigorosa dos seus elementos transponíveis e a presença de dois subgenomas, as investigações visam à identificação de fatores de grande efeito, que representam blocos de genes ligados envolvidos na evolução do milho. Regiões genômicas associadas a características fenotípicas (Quantitative Traits Loci – QTLs) foram então determinadas, revelando que as principais características que distinguem milho e teosinto são controladas por cinco segmentos cromossômicos. Duas dessas regiões têm sido bem analisadas, e a dois locos têm sido atribuídas as principais diferenças. Um deles é encontrado no cromossomo 4 e foi denominado de *teosinte glume architecture1 (tga1)*, responsável pelo controle de diferenças estruturais. O segundo loco está localizado no cromossomo 1 e é responsável por diferenças na arquitetura da planta, correspondendo a um fenótipo mutante de milho previamente descrito como *teosinte branched1 (tb1)*, fazendo que as plantas de milho lembrem as de teosinto, no caso de manifestação homozigota recessiva (WHITE; DOEBLEY, 1998).

Uma das diferenças mais importantes entre milho e teosinto é a perda da debulha natural no primeiro, o que faz que o grão permaneça retido na espiga. Essa característica é determinante no sentido de se distinguir genótipos ainda silvestres de outros já domesticados. A perda da

debulha natural resulta diretamente na dependência do homem para a perpetuação da espécie. Foi determinado que o efeito do alelo do milho do loco *tga1* no genoma do teosinto está sob ação de um único QTL. Além disso, análises realizadas no *tga1* têm revelado efeitos pleiotrópicos sob um grupo de caracteres (DORWEILER; DOEBLEY, 1997). Existem evidências indicando que ele atua como um loco regulatório sobre caracteres fundamentais para o desenvolvimento das plantas (DOEBLEY, 2004).

De maneira resumida, as funções do loco *tb1* estão relacionadas com a repressão do desenvolvimento dos órgãos, podendo ser explicadas por mudanças no padrão espacial ou no nível de expressão do *tb1*. Em teosinto, o gene pode ser expresso em níveis reduzidos, ou não ser expresso nos primórdios que formam os ramos primários. Isso poderia permitir o desenvolvimento desses primórdios em ramos totalmente alongados. Assim, o processo evolutivo do milho necessitou de um aumento na expressão do *tb1* nas ramificações axilares primárias e nas inflorescências terminais, de maneira que formassem pequenas espigas em um colmo não ramificado. Se o *tb1* representa um QTL que foi alvo da seleção humana, então ele pode ser o marco desse processo seletivo passado, o qual refletiria nos seus padrões de diversidade nucleotídica (DOEBLEY, 2004).

Distribuição mundial, variabilidade genética e melhoramento genético

As primeiras descrições da presença do milho na costa norte de Cuba foram realizadas em 1492, indicando que, aparentemente, a descoberta da América teria permitido o primeiro contato do homem europeu com a espécie. Portanto, provavelmente Cristóvão Colombo teria sido o responsável pela dispersão da espécie, na Europa, ao regressar à Espanha, em 1493 (GOODMAN, 1987).

As descrições realizadas pelos primeiros escritores e exploradores indicavam que o grão de milho era colorido, farináceo e de endosperma branco. A essas descrições muitas outras se seguiram, como a de grãos amarelos, alaranjados e, até mesmo, de endosperma duro, com variações de preto, vermelho ou roxo. Hoje, sabe-se que o milho varia de duro a dentado, e que sua coloração mais comum é a amarela (GOODMAN, 1995).

A variação genética presente na espécie está diretamente relacionada à alta capacidade de sua adaptação em ambientes de diferentes altitudes (de zero a mais de 2 mil metros), bem como aos diversos caracteres selecionados pelo homem. Essa variabilidade genética pode ser visualizada nas inúmeras raças de milho existentes. Conforme Galinat (1992), pela ampla adaptação geográfica, e pela distribuição do milho pelos agricultores, a espécie se diferenciou em mais de 300 raças desde a época de Colombo. Conforme Harlan (1992), raças são tipos diferentes de populações de indivíduos dentro de uma mesma espécie. As diferenças podem estar relacionadas ao período de maturação, a características da espiga e do grão (Fig. 1), à fisiologia, à genética e à citogenética, entre outras (WELLHAUSEN et al., 1951). De acordo com Yamasaki et al. (2005), as raças forneceram o material genético para o melhoramento da espécie, possibilitando melhorar caracteres relacionados com a adaptação e a produtividade agrícola, tais como a tolerância a estresses bióticos e abióticos. Os milhos dentados do México (Tuxpeño, Vandeño, Celaya, entre outros) e os seus derivados são os tipos agronomicamente mais importantes entre os vários grupos de raças amplamente disseminados (GOODMAN; SMITH, 1978). Provavelmente, os complexos raciais surgiram em razão das hibridações ocorridas entre o germoplasma local e o americano (PATERNIANI, 1998). Entretanto, além das hibridações, outras forças evolutivas, tais como seleção, mutação e migração, também contribuíram para a constituição das diferentes raças de milho.



Fig. 1. Variabilidade genética, no grão, em variedades crioulas de milho.

É interessante notar que, apesar de já terem sido descritas centenas de raças, a maioria delas descende, provavelmente, daquelas cultivadas pelas tribos indígenas durante muitos séculos, tais como: a) raça Moroti, pelos índios guaranis; b) raça Cateto, pelos tupis-guaranis; c) raça Entrelaçado, pelos xavantes; d) um tipo diferente de milho branco, farináceo e dentado, pelos índios caingangues (PATERNIANI; GOODMAN, 1977). Algumas dessas tribos localizavam-se a pequenas distâncias umas das outras, mas mantinham em cultivo somente os tipos de milho que se adequassem às suas necessidades e hábitos alimentares e culturais, o que comprovaria a importante participação dos índios no desenvolvimento de variabilidade genética na espécie.

Essas raças de milho representaram, por centenas de anos, uma importante fonte de alimento para inúmeras comunidades locais. Com a ascensão dos híbridos, entretanto, a maioria dos agricultores, tanto de grandes quanto de pequenas propriedades, deixaram de cultivar as raças crioulas, que apresentavam um rendimento de grãos inferior ao dos híbridos, situação essa que se mantém até hoje. Todavia, é inquestionável que o germoplasma do

milho representa um grande banco de variação natural (PATERNIANI; GOODMAN, 1977) e, por essa razão, muitos grupos de pesquisa vêm trabalhando, já há algumas décadas, na identificação e na manutenção dessas variedades, para posterior utilização do germoplasma em programas de melhoramento da espécie.

Sem dúvidas, o sucesso da alta produtividade do milho está relacionado com o uso do vigor híbrido, resultado das melhores combinações entre diferentes linhagens. Sendo assim, desde as primeiras tentativas, ainda no início do século passado (HAYES; GARBER, 1919), os programas de melhoramento da espécie têm visado ao desenvolvimento de linhas endogâmicas que, ao serem cruzadas, resultam em híbridos superiores quando comparados àqueles de populações melhoradas. Conforme Miranda Filho e Viégas (1987), a introdução do milho híbrido na década de 1920 deu um grande impulso à agricultura moderna. Por sua vez, Poehlman e Sleper (1995) afirmaram que a principal contribuição do melhoramento de milho durante o século 20 foi para o desenvolvimento de uma infra-estrutura de produção comercial de sementes híbridas, o que determinou alguns fatores como: incremento da produtividade, redução do ciclo, melhor sistema radicular combinado com colmos mais curtos e mais fortes (reduzindo o acamamento), e resistência a doenças e a insetos. Ainda conforme esses autores, nos últimos 50 anos o desenvolvimento e o uso de híbridos geneticamente melhorados, combinados com melhores práticas culturais, resultaram num aumento em torno de 340 % no rendimento de milho nos Estados Unidos.

Perspectivas

Apesar das inúmeras descobertas realizadas em mais de um século de pesquisa sobre essa espécie de imenso valor econômico e experimental, ainda existem muitas questões a serem explicadas. Com o advento da biotecnologia, muitas características do genoma do milho têm sido identificadas,

as quais auxiliam, em muitos casos, no entendimento do processo evolutivo dessa espécie. Por intermédio dessas tecnologias, tem sido possível identificar a constituição genômica da espécie, a qual apresenta um tamanho estimado de 2,5 giga pares de bases (SHAPIRO; STERNBERG, 2005). Desses, somente 1 %, aproximadamente, representaria seqüências gênicas (MEYERS et al., 2001), enquanto de 60 % a 70 % deles representariam seqüências de DNA repetitivo (MEYERS et al., 2001; KIDWELL, 2002; HABERER et al., 2005), as quais, na sua maioria, são caracterizadas como retrotransposons (HABERER et al., 2005; SHAPIRO & STERNBERG, 2005). Tais informações têm levado muitos pesquisadores a buscar, nessas seqüências não codificantes, respostas para muitas dúvidas evolutivas. A identificação de QTLs, controlando diferenças morfológicas entre milho e teosinto (BOMBLIES et al., 2003; DOEBLEY, 1995), também tem auxiliado a desvendar alguns mistérios envolvidos no processo evolutivo da espécie.

De maneira geral, é possível afirmar que o processo evolutivo do milho foi intensamente complexo, envolvendo seleção em diversos caracteres. Entretanto, apesar de o milho ser a terceira espécie mais estudada mundialmente, e de toda a biotecnologia disponível, há ainda muitas questões a serem elucidadas.

Referências

- AGUIAR-PERECIN, M. L. R. Estrutura dos cromossomos do milho. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 409 p.
- BENNETT, M. D. Perspectives on polyploidy in plants – ancient and neo. **Biological Journal of the Linnean Society**, Oxford, v. 82, p. 411-423, 2004.
- BOMBLIES, K.; WANG, R. L.; AMBROSE, B. A.; SCHMIDT, R. J.; MEELEY, R. B.; DOEBLEY, J. Duplicate *FLORICAULA/LEAFY* homologs *zfl1* e *zfl2* control inflorescence architecture and flower patterning in maize. **Development**, Cambridge, v. 130, p. 2.385-2.395, 2003.
- CHANG, M. T.; NEUFFER, M. G. Maize microsporogenesis. **Genome**, Ottawa, v. 32, p. 232-243, 1989.
- DARWIN, C. **The origin of species**. New York: Mentor Books, 1859.
- DEFANI-SOARIZE, M. A.; PAGLIARINI, M. S.; AGUIAR, C. G. Meiotic behavior of inbred lines of maize (*Zea mays* L.). **The Nucleous**, Calcutta, v. 39, p. 10-18, 1996.

- DOEBLEY, J. F. Molecular evidence and the evolution of maize. **Economic Botany**, Bronx, v. 44, p. 6-27, 1990.
- DOEBLEY, J. F. The genetics of maize evolution. **Annual Review of Genetics**, Palo Alto, v. 38, p. 37-59, 2004.
- DOEBLEY, J. F.; BACIGALUPO, A.; STEC, A. Inheritance of kernel weight in two maize – teosinte hybrid populations: implications for crop evolution. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 85, p. 191-195, 1994.
- DOEBLEY, J. F.; GOODMAN, M. M.; STUBER, C. W. Isozymic variation in *Zea* (Gramineae). **Systematic Botany**, Laramie, v. 9, p. 203-218, 1984.
- DOEBLEY, J. F.; STEC, A. Genetic analysis of the morphological differences between maize and teosinto. **Genetics**, Baltimore, v. 129, p. 285-295, 1991.
- DOEBLEY, J. F.; STEC, A. Inheritance of the morphological differences between maize and teosinte: comparison of results for two F₂ populations. **Genetics**, Baltimore, v. 134, p. 559-570, 1993.
- DOEBLEY, J. F.; STEC, A.; GUSTUS, C. *Teosinto branched1* and the origin of maize: evidence for epistasis and the evolution of dominance. **Genetics**, Baltimore, v. 141, p. 333-346, 1995.
- DOEBLEY, J. F.; STEC, A.; HUBBARD, L. The evolution of apical dominance in maize. **Nature**, Nova York, v. 386, p. 485-488, 1997.
- DOEBLEY, J. F.; STEC, A.; WENDEL, J.; EDWARDS, M. Genetic and morphological analysis of maize-teosinte F₂ population: implications for the origin of maize. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 87, p. 9.888-9.892, 1990.
- DORWEILER, J.; DOEBLEY, J. F. Developmental analysis of *teosinto glume architecture1*: a key locus in the evolution of maize (Poaceae). **Americal Journal of Botany**, Saint Louis, v. 87, p. 1.313-1.322, 1997.
- EAST, E. M. Heterosis. **Genetics**, Baltimore, v. 21, n. 4, p. 375-397, 1936.
- EAST, E. M. The distinction between development and heredity en inbreeding. **The American Naturalist**, Chicago, v. 43, n. 507, p. 173-181, 1909.
- EDWARDS, J. W.; ALLEN, J. O.; COORS, J. G. Teosinte cytoplasmic genomes: I. performance of maize inbreds with teosinte cytoplasms. **Crop Science**, Madison, v. 36, p. 1.088-1.091, 1996.
- EVANS, M. M. S.; KERMICLE, J. L. *Teosinte crossing barrier 1*, a locus governing hybridization of teosinte with maize. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 103, p. 259-265, 2001.
- GALINAT, W. C. Evolution of corn. In: SPARKS, D. L. **Advances in agronomy**. London: Academic Press, 1992. 403 p.
- GALINAT, W. C. The origin of corn. In: SPRAGUE, G. F. (Ed). **Corn and corn improvement**. Madison: American Society of Agronomy, 1977. 47 p.
- GALINAT, W. C. The origin of maize. **Annual Review of Genetics**, Palo Alto, v. 5, p. 447-478, 1971.
- GAUT, B. S.; MAUD, L. T.; PEEK, A.; SAWKINS, M. C. Maize as a model for the evolution of plant nuclear genomes. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 97, n. 13, p. 7.008-7.015, 2000.
- GILL, B. S.; FRIEBE, B. Plant cytogenetics at the dawn of the 21st century. **Current Opinion In Plant Biology**, Oxford, v. 1, p. 109-115, 1998.
- GOLOUBINOFF, P.; PAABO, S.; WILSON, A. C. Evolution of maize inferred from sequence diversity of an *Adh2* gene segment from archaecological specimens. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 90, p. 1.997-2.001, 1993.

GOLUBOVSKAYA, I. N. Genetic control of meiosis. **International Review of Cytology**, New York, v. 58, p. 247, 1979.

GOLUBOVSKAYA, I. N. Meiosis in maize: mei genes and conception of genetic control of meiosis. **Advances in Genetics**, London, v. 26, p. 149, 1989.

GOODMAN, M. M. A brief survey of the races of maize and current attempts to infer racial relationships. In: WALDEN, D. B. **Maize Breeding and Genetics**, New York, p. 143-158, 1978.

GOODMAN, M. M. História e origem do milho. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas, SP: Fundação Cargill, 1987. 409 p.

GOODMAN, M. M. Maize. In: SIMONS, N. W.; SMARTT, J. **Evolution of crop plants**. 2. ed. New York: Longman, 1995. 531 p.

GOODMAN, M. M.; SMITH, J. S. C. Botânica. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas, SP: Fundação Cargill, 1978. 650 p.

HABERER, G.; YOUNG, S.; BHARTI, A. K.; GUNDLACH, H.; RAYMOND, C.; FUKS, G.; BUTLER, E.; WING, R. A.; ROUNSLEY, S.; BIRREN, B.; NUSBAUM, C.; MAYER, K. F.; MESSING, J. Structure and architecture of the maize genome. **Plant Physiology**, Rockville, v. 139, n. 4, p. 1.612-1.624, 2005.

HARLAN, J. R. **Crops and man**. Madison: American Society of Agronomy, 1992. 284 p.

HAYES, H. K.; GARBER, R. J. Synthetic production of high protein corn in relation to breeding. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 11, p. 309-319, 1919.

HILTON, H.; GAUT, B. S. Speciation and domestication in maize and its wild relatives: evidence from the *Globulin-1* gene. **Genetics**, Baltimore, v. 150, p. 863-872, 1998.

INDICADORES DA AGROPECUÁRIA. Brasília, DF: Conab, v. 17, n. 6, 2008. 67 p. Disponível em: <www.conab.gov.br>. Acesso em: 23 jun. 2008.

KIDWELL, M. G. Transposable elements and the evolution of genome size in eukaryotes. **Genetica**, Dordrecht, v. 115, p. 49-63, 2002.

MACHADO, C. T. T.; PATERNIANI, M. L. S. Origem, domesticação e difusão do milho. In: SOARES, A. C.; MACHADO, A. T.; SILVA, B. M.; WEID, J. M. von der. **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. 185 p.

MANGELSDORF, P. C. **Corn: its origin, evolution and improvement**. Cambridge: Harvard University Press, 1974. 262 p.

MATSUOKA, Y.; VIGOUROUX, Y.; GOODMAN, M. M.; SANCHEZ, J.; BUCKLER, E.; DOEBLEY, J. A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 99, n. 9, p. 6.080-6.084, 2002.

McCLINTOCK, B. A correlation of ring-shaped chromosomes with variegation in *Zea mays*. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 18, n. 12, p. 677-681, 1932.

McCLINTOCK, B. A cytological and genetical study of triploid maize. **Genetics**, Baltimore, v. 14, n. 2, p. 180-222, 1929.

McCLINTOCK, B. A cytological demonstration of the location of an interchange between two non-homologous chromosomes of *Zea mays*. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 16, n. 12, p. 791-796, 1930.

- McCLINTOCK, B. The association of non-homologous parts of chromosomes in the mid-prophase of meiosis in *Zea mays*. **Zeitschrift fur Zellforschung und mikroskopische Anatomie**, v. 19, n. 2, p. 191-237, 1933.
- McCLINTOCK, B. The cytological identification of the chromosome associated with the R-G linkage group in *Zea mays*. **Genetics**, Baltimore, v. 16, n. 2, p. 175-190, 1931.
- MESSING, J.; DOONER, H. K. Organization and variability of the maize genome. **Current Opinion in Plant Biology**, Oxford, v. 9, n. 2, p. 157-163, 2006.
- MEYERS, B. C.; TINGEY, S. V.; MORGANTE, M. Abundance, distribution, and transcriptional activity of repetitive elements in the maize genome. **Genome Research**, Woodbury, v. 11, p. 1.660-1.676, 2001.
- MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 409 p.
- MOLINA, M. C.; POGGIO, L.; NARANJO, C. A. Cytogenetic analysis of the hybrids *Zea mays* ssp. *mays* x *Z. mays* ssp. *parviglumis* and *Z. mays* ssp. *mays* x *Z. mays* ssp. *mexicana*. **Maize Genetics Cooperation News Letter**, Missouri, v. 66, n. 107, p. 60, 1991.
- NARANJO, C. A.; MOLINA, M. C.; POGGIO, L. **Evidencias de número básico x=5 em género Zea y su importancia em el estudio del origen del maíz**. 1990. f. 43-53. Monografía – Academia Nacional de Ciencias Exactas Físicas y Naturales, Buenos Aires.
- PAABO, S. Neolithic genetic engineering. **Nature**, New York, v. 398, n. 6.724, p. 194-195, 1999.
- PATERNIANI, E. Diversidade genética e raças de milho no Brasil. In: SOARES, A. C.; MACHADO, A. T.; SILVA, B. M.; WEID, J. M. von der. **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. 185 p.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento de milho. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. 817 p.
- PATERNIANI, E.; GOODMAN, M. M. **Races of maize in Brazil and adjacent areas**. México: Centro Internacional de Mejoramiento de Maiz y Trigo, 1977. 95 p.
- PIPERNO, D. R.; FLANNERY, K. V. The earliest archaeological maize (*Zea mays* L.) from highland Mexico: New accelerator mass spectrometry dates and their implications. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 98, n. 4, p. 2.101-2.103, 2001.
- POEHLMAN, J. M.; SLEPER, D. A. **Breeding field crops**. Iowa: Iowa State University Press, 1995. 494 p.
- POGGIO, L.; CONFALONIERI, V.; COMAS, C.; GONZALEZ, G.; NARANJO, C. A. Evolutionary relationships in the genus *Zea*: analysis of repetitive sequences used as cytological FISH and GISH markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 4, p. 1.021-1.027, 2000.
- POGGIO, L.; ROSATO, M.; MAZOTI, L. B.; NARANJO, C. A. Variable meiotic behaviour among plants of an alloplasmic line of maize. **Cytologia**, Tokyo, v. 62, p. 271-274, 1997.
- RANDOLPH, L. F. History and origin of corn. II. cytogenetic aspects of the origin and evolutionary history of corn. In: SPRAGUE, G. F. **Corn and corn improvement**. New York: Academic Press, 1955. p. 16-61.
- REEVES, R. G.; MANGELSDORF, P. C. A proposed taxonomic change in the tribe Maydeae. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 29, p. 815-817, 1942.
- RHOADES, M. M. The cytogenetics of maize. In: SPRAGUE, G. F. **Corn and corn improvement**. New York: Academic Press, 1955. p. 123-219.

- SACHAN, J. K. S.; NATH, Y. Interracial differences in mechanical properties of the cob in relation to knob composition. **Maize Genetics Cooperation News Letter**, Missouri, v. 68, p. 68-69, 1994.
- SHAPIRO, J. A.; STERNBERG, R. Why repetitive DNA is essential to genome function. **Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society**, New York, v. 80, p. 227-250, 2005.
- STEBBINS, G. L.; CRAMPTON, B. A suggested revision of the grass genera of temperate North America. **Recent Advances in Botany**, v. 1, p. 133-145, 1961.
- SZABO, V. M.; BURR, B. Simple inheritance of key traits distinguishing maize and teosinte. **Molecular General Genetics**, Berlin, v. 252, p. 33-41, 1996.
- TAKAHASHI, C.; MARSHALL, J. A.; BENNETT, M. D.; LEITCH, I. J. Genomic relationships between maize and its wild relatives. **Genome**, Ottawa, v. 42, p. 1.201-1.207, 1999.
- TERRA, T. F. **Análises citogenéticas e moleculares em populações de milho (*Zea mays* L.), teosinto (*Zea mexicana*) e em híbridos entre as duas espécies**. 2004. 67 f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.
- WANG, R. L.; STEC, A.; HEY, J.; LUKENS, L.; DOEBLEY, J. The limits of selection during maize domestication. **Nature**, New York, v. 398, p. 236-239, 1999.
- WEATHERWAX, P. **Indian corn in old America**. New York: Macmillan, 1954. 253 p.
- WELLHAUSEN, E. J.; ROBERTS, L. M.; HERNÁNDEZ, X. E. **Races of maize in Mexico**. Cambridge: Harvard University Press, 1952. 223 p.
- WELLHAUSEN, E. J.; ROBERTS, L. M.; HERNÁNDEZ, X. E. **Razas de maíz en México**. México: Secretaria de Agricultura Y Ganaderia, 1951. 237 p.
- WHITE, S. E.; DOEBLEY, J. F. Of genes and genomes and the origin of maize. **Trends in Genetics**, Oxford, v. 14, n. 8, p. 327-332, 1998.
- YAMASAKI, M.; TENAILLON, M. I.; BI, I. V.; SCHROEDER, S. G.; SANCHEZ-VILLEDA, H.; DOEBLEY, J. F.; GAUT, B. S.; McMULLEN, M. D. A large-scale screen for artificial selection in maize identifies candidate agronomic loci for domestication and crop improvement. **The Plant Cell**, Rockville, v. 17, p. 2.859-2.872, 2005.
- ZHANG, J.; PETERSON, T. Genome rearrangements by nonlinear transposons in maize. **Genetics**, Baltimore, v. 153, p. 1.403-1.410, 1999.



Morangos

História que une dois continentes

Foto: José Eduardo Figueiredo Dornelles



Morangos

Elisane Schwartz
Rosa Lía Barbieri

O morango (*Fragaria x ananassa* Duch.) é cultivado na maioria dos países de clima temperado, e também em alguns de clima subtropical. Tem apelo universal por satisfazer sensações visuais, olfativas e gustativas, podendo ser consumido in natura ou utilizado para a elaboração de sobremesas, de sucos, de compotas, de geléias e de sorvetes. Do ponto de vista nutricional, o morango é valorizado por seu baixo valor calórico (40 kcal/100 g de polpa) e alto percentual de vitamina C, de potássio, de fibras e de antocianinas. Além disso, substâncias dele extraídas são usadas como ingrediente em produtos cosméticos, como cremes anti-rugas e tônicos para a pele (CTENAS et al., 2000).

O maior produtor mundial de morangos é os Estados Unidos, seguido da Espanha, do Japão, da Polônia, do México e da Itália. A produção brasileira está em torno de 100 mil toneladas, concentradas, principalmente, em Minas Gerais, em São Paulo e no Rio Grande do Sul (REICHERT; MADAIL, 2003). Do ponto de vista econômico e social, a produção de

morangos destaca-se por ser uma atividade rentável, que absorve um elevado contingente de mão-de-obra ao longo de todo o seu ciclo.

Uma produtividade na ordem de 18 t/ha a 20 t/ha pode ser obtida com uso de pouca tecnologia (MADAIL et al., 2005). Em ambientes mais favoráveis, e com o uso de variedades apropriadas, há registro de produtividade em torno de 50 t/ha a 100 t/ha. As plantas são sazonais e produzem uma seqüência de inflorescência e estolões. Geralmente, a propagação é feita assexuadamente, por meio de estolões, nos quais cada planta obtida é um clone da planta matriz. A micropropagação tem sido utilizada para a obtenção de plantas livres de vírus (JONES, 1995). Embora seja uma espécie perene, o morangueiro é cultivado como anual, visto que suas mudas são substituídas a cada um ou dois anos, para manter uma boa produtividade.

Botânica e fisiologia

O morangueiro é uma angiosperma dicotiledônea pertencente à família Rosaceae. Essa grande e diversificada família inclui muitos frutos de estimado valor para o consumo humano, como maçãs, pêssegos, framboesas e amoras. Algumas características, como gineceu súpero apocárpico e multipistilado, desenvolvimento de ovários em frutos indeiscentes do tipo aquênio e folhas trifoliadas, fazem que o gênero *Fragaria*, que compreende cerca de 46 espécies, enquadre-se dentro da tribo Roseae ou Potentilleae (GALLETTA; BRINGHRUST, 1990; JONES, 1995). O morango é um fruto múltiplo, composto por receptáculo floral expandido e por diversos frutículos do tipo aquênio, que contêm as sementes e se prendem ao receptáculo. A parte suculenta é constituída pelo receptáculo carnoso, geralmente de coloração vermelha no morango cultivado (CAMARGO et al., 1963; VAUGHAN; GESSLER, 1997).

A indução de gemas florais no morangueiro depende de fatores como temperatura e fotoperíodo, e as cultivares

podem enquadrar-se em três classes distintas relacionadas ao florescimento: as que florescem uma, duas ou mais de duas vezes por ano. A maioria das cultivares de morango floresce uma vez ao ano, produzindo, portanto, uma única safra anual. Essas cultivares são conhecidas como de dias curtos, *june bearing* ou *noneverbearing*. Desenvolvem gemas florais quando o fotoperíodo é menor do que 12 ou 14 horas, e as temperaturas são inferiores a 15 °C, o que coincide com o final do verão e o princípio do outono. Dos que florescem mais de uma vez ao ano, chamados de *everbearers*, há um grupo conhecido como de dias longos, e outro conhecido como de dias neutros. As cultivares de dias longos (reflorescentes ou remontantes) diferenciam gemas florais, especialmente quando os dias são mais longos, produzem menos estolões e tendem a formar múltiplas coroas. Muitas espécies silvestres pertencem a esse grupo e produzem uma safra na primavera e outra no outono. As cultivares de dias neutros, indiferentes ao fotoperíodo, são afetadas pela temperatura, frutificando sempre que elas sejam suficientemente altas. A produção de estolões se dá durante o verão e continua até o início dos dias curtos (GALLETTA; BRINGHURST, 1990; SANTOS, 2003). Na Europa, durante centenas de anos, variedades de morango com comportamento *everbearing* têm se desenvolvido de forma silvestre, como *Fragaria vesca* var. *semperflorens*. Plantas com característica *everbearing* também ocorrem na América do Norte, entretanto, elas são essencialmente diferentes das européias, pois estas últimas são diplóides e as americanas são octaplóides (DARROW, 1966).

No Brasil, até a década de 1990, a época tradicional do plantio de morango ocorria de março até meados de abril. Com isso, a colheita era feita no mês de maio, com aumento no mês de junho e picos em julho e em agosto. Com a importação de mudas, principalmente para as localidades de maior altitude na Região Sul, transferiu-se a época de plantio para o mês de maio. Dessa forma, a colheita passou a ocorrer no mês de agosto, com aumento de volume em

setembro, e com picos em outubro, novembro e dezembro, encerrando-se no mês de janeiro. Com essa mudança, a Região Sul passou a produzir frutos fora dos meses em que a maior região produtora do Brasil (sul de Minas Gerais) estava com o pico máximo de colheita. Sendo o mês de maio considerado o período tradicional de plantio, buscaram-se, então, alternativas para produção de frutos nos meses de fevereiro, de março, de abril e primeiros dias de maio, visto que, nessa época, o mercado para o morango in natura alcançava os melhores preços. Isso se tornou possível graças à utilização de cultivares de dias neutros (SHIMIZU, 2005).

Citogenética

As espécies de morango formam uma série poliplóide, de diplóides a octaplóides (Tabela 1), com número básico de cromossomos $x=7$. A distribuição geográfica distinta de tetraplóides, hexaplóides e octaplóides sugere que cada grupo poliplóide tenha se originado independentemente. Estudos citológicos de híbridos interespecíficos e de poliplóides naturais ou induzidos indicam ter havido pequenas diferenciações nos pares de cromossomos homólogos em algumas das espécies, exceto em octaplóides (JONES, 1995).

A origem e a evolução das espécies octaplóides ainda permanecem um pouco nebulosas. Os octaplóides são híbridos complexos, nos quais o genoma A, da constituição genômica AAA'A'BBB'B', foi identificado como proveniente de *F. vesca*, mas as espécies que contribuíram para os outros genomas ainda são desconhecidas (GALLETTA; BRINGRURST, 1990; HANCOCK et al., 1999). As espécies octaplóides apresentam considerável variação, especialmente em *F. virginiana*, na qual algumas variantes têm sido descritas como espécies novas ou subespécies, como é o caso de *F. ovalis* (sinonímia: *F. virginiana* var. *glauca*). A excepcional distribuição dos octaplóides pode ser exemplificada por subespécies de *F. chiloensis* no Havá e

de *F. iturupensis* Staudt em ilhas do nordeste do Japão. Foram encontrados híbridos naturais de *F. chiloensis* e *F. virginiana*, e a introgressão pode ter contribuído para a diversidade em ambas as espécies.

Embora *F. chiloensis* e *F. virginiana* sejam restritos ao Novo Mundo, os octaplóides provavelmente se originaram no Velho Mundo, a partir de *F. vesca*. O ponto de origem não é claro, mas a série de *F. chiloensis* estende-se pelo norte e oeste, ao longo das Ilhas Aleutas (prolongamento da península do Alasca), até perto das Ilhas Kuril, onde somente o octaplóide asiático *F. iturupensis* é encontrado. Isso sugere que o primeiro octaplóide tenha se originado no leste da Ásia, e então se espalhado pelo Estreito de Bering até chegar à América do Norte. Essa antiga espécie pode ter se diferenciado em *F. chiloensis* e *F. virginiana*, dispersando-se para o sul e desenvolvendo a capacidade de adaptar-se em habitats de costa e montanhas. As duas espécies são completamente interférteis e não se observam diferenças significativas entre elas no DNA dos cloroplastos. Dados de RAPD sugerem que elas têm permanecido isoladas, mas a fertilidade interespecífica e a proximidade desses grupos têm sido permitidas por introgressão ocasional (JONES, 1995; HANCOCK et al., 1999).

História antiga das espécies do Velho Mundo

Há indícios de que morangos silvestres, principalmente *F. vesca* (Tabela 1), seriam consumidos na Pré-História pelos povos do centro e do norte da Europa, uma vez que existe registro de sementes em sítios arqueológicos datando do Neolítico (10000 a 6000 a.C.) e da Idade dos Metais (5000 a 4000 a.C.). Os romanos, no século 1, conheciam e cultivavam *F. vesca*, também conhecido como morango alpino. Existem referências ao uso medicinal das folhas, na Europa, no século 13. O cultivo de morango alpino em áreas mais extensas começou no século 14, e foi a principal espécie comercializada até o século 19. Durante o século

16, tornou-se uma planta comum em jardins e hortas, utilizada como ornamental e também para consumo. Os europeus cultivavam tanto plantas com frutos brancos quanto com frutos vermelhos (GALLETTA; BRINGHURST, 1990).

F. moschata (Tabela 1), comumente conhecida como *Hautbois ou Musky* (morango almiscarado), é um morango silvestre encontrado em áreas sombreadas no leste da Europa, na Rússia e na Sibéria. Uma forma com fruto branco e grande foi introduzida e cultivada na Inglaterra, na primeira metade do século 16, abrindo caminho para a produção fora da época habitual. Algumas plantas que produziam frutos vermelhos foram descobertas na Boemia (Europa Central), e seu cultivo rapidamente se espalhou pela Inglaterra, pela Itália e por outras partes da Europa. Os nomes atribuídos a algumas variedades selecionadas na Inglaterra e na França, como *Black* (preta), *Apricot* (damasco) e *Raspberry* (framboesa), dão idéia da variabilidade existente. As seleções realizadas permitiram aumentar um pouco o tamanho do fruto. Atualmente, a espécie é cultivada, ainda que em pequena escala, em virtude do seu sabor e aroma característicos (GALLETTA; BRINGHURST, 1990; JONES, 1995).

Tabela 1. Nível de ploidia, características e ocorrência de algumas espécies de *Fragaria*.

Espécie	Nível de ploidia	Característica de fruto	Sexualidade da planta	Ocorrência
<i>Fragaria vesca</i> L.	Diplóide (2n=14)	Polpa extremamente macia Aromáticos ou altamente aromáticos Sementes pequenas e proeminentes Algumas formas <i>everbearing</i>	Hermafrodita	Norte temperado da Europa, norte da Ásia, América do Norte e norte da África
<i>Fragaria viridis</i> Duch. (Sinonímia: <i>F. collina</i> Ehrh. e <i>F. bifera</i> Duch.)	Diplóide (2n=14)	Frutos verdes, branco-esverdeados a vermelhos (lado exposto ao sol) quando maduros	Hermafrodita	Europa para o leste até o centro da Ásia

Continua...

Tabela 1. Continuação.

Espécie	Nível de ploidia	Característica de fruto	Sexualidade da planta	Ocorrência
		Pequenos Polpa firme Aromáticos Aquênios fixados em cavidades. <i>Everbearing</i>		
<i>F. moupinensis</i> (Franch.)	Tetraplóide (2n=28)	Frutos com coloração vermelho-alaranjada	Dióica	Tibet e China
<i>F. orientalis</i> Losinsk	Tetraplóide	Frutos grandes, cônicos ou redondos, vermelhos	Polígama ⁽¹⁾	Sibéria e Coréia
<i>Fragaria moschata</i> Duchesne (Sinonímia: <i>F. elatior</i> Ehrh.)	Hexaplóide (2n=42)	Frutos maiores que <i>F. vesca</i> Coloração variando de vermelho-clara a marrom-escura ou de vermelho-arroxeadada a vermelho-esverdeada Globosos irregulares (até ovóides) Aromáticos, com sabor característico que lembra uvas do tipo moscatel Aquênios concentrados nas extremidades	Dióica	Norte da Europa até a Sibéria
<i>Fragaria chiloensis</i> (L.) Mill.	Octaplóide (2n=56)	Frutos vermelhos, variando de castanho-escuro (especialmente o lado exposto ao sol) até rosa pálido translúcido Frutos albinos também são relatados Polpa branca, firme, suave, deficiente de sabor Frutos geralmente maiores que as outras espécies Aquênios escuros geralmente proeminentes na superfície, podendo também estar em cavidades rasas Não apresentam característica <i>everbearing</i>	Normalmente dióica, ocasionalmente hermafroditas	Descontinuamente ao longo da costa do Pacífico, na América do Norte, no Chile, na Argentina e no Havaí

Continua...

Tabela 1. Continuação.

Espécie	Nível de ploidia	Característica de fruto	Sexualidade da planta	Ocorrência
<i>Fragaria virginiana</i> Mill.	Octaplóide (2n=56)	Possuem cerca de duas vezes o tamanho de <i>F. vesca</i> Coloração variando de vermelho-clara a vermelho-escura, geralmente escarlate, podendo também existir frutos esverdeados Polpa geralmente branca Ácidos Aromáticos, algumas vezes adstringentes Aquênios aprofundados em cavidades abaixo da superfície Raramente apresentam característica <i>everbearing</i>	Dióicas, ocasionalmente polígamas ⁽¹⁾	Centro e leste da América do Norte

⁽¹⁾ Flores monóclinas e díclinas ocorrem na mesma espécie, não importando a sua distribuição nas plantas. Fonte: Darrow (1966), Jones (1995) e Hancock (2004).

História antiga das espécies do Novo Mundo

Hancock et al. (1999) fizeram um extenso relato da história antiga de *F. chiloensis* (Tabela 1), conhecido como morango chileno. A partir da América do Norte, a espécie *F. chiloensis* foi introduzida no Chile e no Havaí pela ação das aves migratórias. Foi utilizada há mais de mil anos pelos índios mapuches, no centro-sul do Chile, estabelecidos entre os rios Biobio e Tolten e, mais ao norte, pela tribo dos picunches, estabelecida entre os rios Itata e Biobio. Os picunches usavam os frutos de morangueiro de diversas formas: frescos, secos, como suco fermentado ou como infusão medicinal contra indigestão, diarreia e hemorragias. Por sua vez, os mapuches produziam todo tipo de suco fermentado, mas o favorito era o obtido de pequenos morangos silvestres vermelhos, os quais eram chamados de *llahuen*, *lahueñe* ou *lahueñe mushca*. Muitas evidências indicam, no entanto, que a planta inicialmente domesticada tinha frutos grandes e de coloração branca, denominados *kellén* ou *quellghen*. Um registro histórico

curioso é o de que os mapuches cultivavam pequenos lotes de morango do tipo vermelho em clareiras abertas nas florestas, como armadilhas para os soldados espanhóis. Quando eles baixavam a guarda de suas armas para colher o atrativo morango, eram atacados e mortos pelos índios. O cultivo era limitado a pequenos lotes; durante o período colonial espanhol, no entanto, foram surgindo plantios um pouco maiores, de um a dois hectares, em áreas costeiras do norte do Rio Itata, até a Ilha de Chiloé. Desde a segunda metade do século 19 até a primeira metade do século 20, a espécie *F. chilensis* foi cultivada em propriedades maiores em várias localidades do Chile. Esses frutos eram transportados em mulas até os mercados das cidades, em viagens que podiam durar até 4 dias. Com a colonização, os espanhóis conheceram o morango silvestre chileno e ficaram impressionados com seus frutos grandes, firmes e de três cores (vermelha, amarela e branca). Introduziram o cultivo de *F. chilensis*, o qual chamavam de *frutilla* (que, em espanhol, quer dizer pequeno fruto), em todo noroeste da América do Sul, onde algumas variedades ainda são cultivadas. Indústrias se desenvolveram em razão desse cultivo, principalmente ao redor de Cuzco (Peru), de Bogotá (Colômbia) e de Ambato (Equador) (JONES, 1995; HANCOCK et al., 1999). A maior área cultivada de *F. chilensis* na América do Sul se estendia desde próximo a Ambato até Huachi-Grande (no Equador). Havia, provavelmente, de 500 ha a 700 ha, que foram explorados do final de 1700 até 1970. No Equador, era comum lançar os frutos dentro de caixas, as quais eram carregadas em mulas por muitos quilômetros até a cidade de Ambato, onde eram classificadas manualmente e colocadas no trem com destino a Quito ou a Guayaquil. Não havia, no mundo, outro morango que suportasse tal manuseio (HANCOCK et al., 1999).

O capitão francês Amédée François Frézier, que se passava por comerciante enquanto mapeava e espionava o controle espanhol ao longo da costa do Peru e do Chile, de 1712 até 1714, ficou impressionado com os morangos chilenos cultivados em Concepción, e levou-os para a França. Frézier

chegou a Marselha com cinco plantas de morango. Duas dessas foram dadas para o controlador de cargas do navio, que autorizou o fornecimento de água para que as plantas permanecessem vivas durante os seis meses de viagem. Das três plantas restantes, Frézier ficou com apenas uma, doando uma ao botânico Antoine Jussieu, para que plantasse em Paris, e outra para o seu superior em Brest, Peletier de Souzy. De Paris, o morango chileno foi distribuído para jardins botânicos e quintais da Holanda, da Inglaterra, da Bélgica e da Alemanha. As mudas eram vigorosas, mas não produziram frutos. O que Frézier não sabia é que essa espécie de morango (*F. chiloensis*) era dióica, e que todas as cinco plantas trazidas por ele eram femininas (GALLETTA; BRINGHURST, 1990; HANCOCK et al., 1999). Em Brest (França), especialmente perto da comunidade de Plougastel, os produtores aprenderam que poderiam produzir frutos se fizessem plantio intercalado de *F. chiloensis* com o morango nativo da Europa (*F. moschata*), ou com *F. virginiana*, que já havia sido introduzida do Novo Mundo.

F. virginiana (Tabela 1) era utilizada pelos índios americanos para dar sabor a pães e a bebidas, existindo indicações de que, além de ser alvo de coleta, essa espécie também era cultivada. A partir do leste da América do Norte, ela foi introduzida diversas vezes na França, na Inglaterra, na Holanda e na Suécia, no período de 1534 até 1857, mas o primeiro registro claro de *F. virginiana* em cultivo na Europa data de 1624. Logo após, mudas do Jardim Botânico de Paris foram distribuídas para a Bélgica, a Alemanha, a Suíça e a Itália. A espécie recebeu a admiração dos europeus, por causa do tamanho do fruto (de três a quatro vezes maior do que as espécies nativas européias), da precocidade e do longo período de frutificação, além de seu sabor adocicado e aroma intenso e peculiar. As primeiras introduções não se desenvolveram bem, mas outras foram melhores, sendo selecionadas formas hermafroditas e autocompatíveis (GALLETTA; BRINGHURST, 1990; JONES, 1995). Algumas variedades tornaram-se populares na Europa, no século 18, para consumo in natura e na forma

de compotas e de geléias (GALLETTA; BRINGHURST, 1990; VAUGHAN; GEISSLER, 1997).

História recente – o moderno morango cultivado

O morango cultivado atualmente (*Fragaria x ananassa*) se originou na Europa, da hibridização entre as espécies americanas *F. chiloensis* e *F. virginiana*. A hibridização entre essas duas espécies não ocorreu nas Américas, em virtude do isolamento geográfico, mas ocorreu na França, por volta de 1750, uma vez que essas espécies foram cultivadas lado a lado (VAUGHAN; GEISSLER, 1997). As plantas oriundas desse cruzamento produziam fruto de excepcional tamanho, com polpa de coloração vermelha, diferente da polpa branca de *F. chiloensis* (JONES, 1995).

F. x ananassa foi cultivada juntamente com *F. virginiana*, e o seu sucesso estimulou programas de melhoramento, especialmente na Inglaterra e, mais tarde, na França e na América do Norte. Muitas variedades novas foram selecionadas e se tornaram populares no século 19. As descrições da coloração interna da polpa variam de branca a até profundamente vermelha, atendendo a diversas preferências (JONES, 1995). Em 1817, Thomas A. Knight, na Inglaterra, foi o primeiro a realizar cruzamentos controlados em morango. Nos Estados Unidos, um grupo de cultivares desenvolvidas na primeira metade do século 20 deu importante contribuição para o germoplasma de morango dos dias atuais (GALLETTA; BRINGHURST, 1990). A base genética dos primeiros programas de melhoramento era estreita, o que fez que alguns melhoristas americanos utilizassem espécies nativas octaplóides, especialmente *F. virginiana*, para aumentar a variabilidade. Uma característica que serviu de estímulo inicial foi o aparecimento de plantas que tinham um período de frutificação mais longo. Também se obteve essa

característica por meio do cruzamento com *F. ovalis* (sinonímia: *F. virginiana* var. *glauca*), dando origem a variedades de dias neutros. Outras características foram melhoradas por outros cruzamentos com octaplóides silvestres. *F. ovalis* é fonte de genes para resistência à seca e às baixas temperaturas, enquanto *F. virginiana* e *F. chiloensis* fornecem genes para resistência a pragas e a doenças. Um dos problemas nos primeiros anos de melhoramento do morangueiro foi a ocorrência de esterilidade parcial, que, algumas vezes, parece estar associada com a recorrência a plantas dióicas; podendo, ainda, ser uma consequência de híbridos interespecíficos (JONES, 1995).

Embora tenha sido possível introgridir germoplasma de algumas espécies diplóides nos morangos cultivados, experimentalmente, eles são derivados quase que exclusivamente de *F. chiloensis*, *F. virginiana* e, em menor extensão, de *F. ovalis* (GALLETTA; BRINGHURST, 1990). Esta última tem contribuído para a formação do material com baixo requerimento de frio, bem como para a formação de genótipos indiferentes à resposta de fotoperíodo (OLIVEIRA; SANTOS, 2003).

Panorama brasileiro do morango

No Brasil, em jardins e em hortas caseiras, o morango vem sendo cultivado desde o final do século 18. A cultura começou a ganhar importância econômica em meados do século 20, no Estado de São Paulo, em virtude da aceitação do produto para consumo in natura, e no Estado do Rio Grande do Sul, por causa da instalação de um parque industrial que tinha no morango uma das suas linhas básicas (compotas, geléias, polpas e frutas congeladas). As cultivares plantadas até então eram importadas dos Estados Unidos e do continente europeu, e não apresentavam boa adaptabilidade às condições climáticas e de solo dos dois estados brasileiros, tendo como consequência uma baixa produtividade – de 4 t/ha a 5 t/ha – (SANTOS; MEDEIROS, 2003).

O melhoramento do morango no Brasil teve início em 1941, no Instituto Agronômico de Campinas (IAC), Campinas, SP. O IAC lançou, em 1955, a cultivar Campinas, que foi um grande marco para a época, pois era mais produtiva, com frutos maiores e de melhor sabor (menos ácidos). No Sul do Brasil, os trabalhos de melhoramento genético principiaram no início da década de 1950, na Estação Experimental de Pelotas (atual Embrapa Clima Temperado), onde foram introduzidos genótipos dos Estados Unidos por meio da importação de mudas e de aquênios. As cultivares importadas W. M. Belt e Poca Hontas tiveram melhor adaptação na região e foram recomendadas para cultivo comercial. Os novos clones obtidos a partir dos aquênios importados foram selecionados e deram origem às cultivares Konvoy, Princesa e Cascata, lançadas em 1962, as quais foram responsáveis pelo sucesso da cultura do morangueiro no Rio Grande do Sul, na década de 1960 e no início do ano de 1970. O quadro restrito de pesquisadores fez que o programa de melhoramento desenvolvido na Estação Experimental de Pelotas sofresse interrupção entre 1965 e 1974, quando então foi reativado. Entre as atividades de reestruturação do programa, foram introduzidas cultivares de outros países e realizados cruzamentos entre os clones mais adaptados na região. Em 1981, foram lançadas as cultivares Konvoy-Cascata e BR 1, além de serem recomendadas as cultivares introduzidas Lassen, Tioga, Leiko e Alemanha. Na década de 1990, foram lançadas as cultivares Vila Nova – de duplo propósito – Santa Clara e Bürkley, destinadas ao processamento industrial e desenvolvidas pela Embrapa Clima Temperado (CASTRO, 2004).

Nos últimos anos, a introdução de cultivares desenvolvidas em outros países tem sido intensa. Podem ser citadas, como exemplo, as cultivares Tangi (Universidade da Flórida), Oso Grande (Universidade da Califórnia), Camarosa (Universidade da Califórnia) e Milsey (Espanha) (SANTOS, 2003), principalmente a partir da década de 1990, por meio de mudas produzidas na Cordilheira dos Andes (Argentina e Chile). Essas cultivares apresentam frutos maiores,

polpa mais firme, melhor sabor, maior produtividade e, principalmente, maior resistência a doenças (REICHERT; MADAIL, 2003).

Atualmente, os principais estados produtores são Minas Gerais, São Paulo e Rio Grande do Sul, responsáveis por mais de 80 % da produção nacional, que é destinada principalmente ao mercado interno (MADAIL et al., 2003). A maior parte da produção nacional é utilizada para o consumo in natura, e o restante é industrializado de diversas formas (REICHERT; MADAIL, 2003).

Perspectivas

Para o sucesso da cultura, é necessário investimento em pesquisa na parte genética (melhoramento de cultivares) e também em técnicas de cultivo, manejo, colheita e processamento. Os principais objetivos do melhoramento do morango são produtividade, característica de fruto, eficiência de colheita e resistência a pragas e a doenças.

No que diz respeito às técnicas de cultivo e ao manejo, a proteção de cultivos com filmes de polietileno de baixa densidade, a hidroponia horizontal ou vertical e a fertirrigação têm contribuído para o aumento da produtividade e para a melhoria da qualidade dos frutos (FURLANI; FERNANDES JÚNIOR, 2004). Com referência a cultivos protegidos, ainda são necessários alguns ajustes para resolver problemas de polinização e *fruit set* (desenvolvimento do fruto), bem como aumentar a taxa de autopolinização, ou obter flores adaptadas para diferentes polinizadores (JONES et al., 1995).

No manejo pós-colheita, estão sendo estudados o uso de atmosfera controlada e modificada, os tratamentos de pré-acondicionamento com CO₂, o uso de irradiações e o controle de pragas e doenças, com o objetivo de manter em melhores condições a qualidade da fruta entregue ao consumidor (CANTILLANO et al., 2003).

A uniformidade de tamanho do fruto pode trazer vantagens para a colheita manual e se tornar essencial para a colheita mecânica. As inflorescências precisam ser mais fortes, mais altas e eretas, características que não estão presentes no gênero *Fragaria*, mas podem estar disponíveis no gênero *Potentilla* ($x=7$, $2n=2x-16x$). A maioria dos híbridos é estéril, mas alguns dos cruzamentos entre *Fragaria* e *Potentilla* têm produzido híbridos viáveis, como *F. ananassa* x *P. palustris* ($14x=98$) e *F. chiloensis* x *P. glandulosa* ($10x=70$). Isso pode facilitar a introdução de características úteis; no entanto, a ocorrência de cromossomos não homólogos pode impedir o sucesso desses cruzamentos, uma vez que a transferência só ocorre por substituição cromossômica (JONES, 1995).

Segundo Shaw (2004), a facilidade com que os frutos podem ser colhidos é característica importante no desenvolvimento de novas cultivares. Por essa razão, as plantas são selecionadas pela arquitetura (tamanho e forma) que facilita a operação. Plantas com arquitetura adequada permitiram a duplicação da taxa de frutos colhidos em cultivares desenvolvidas pela Universidade da Califórnia na última década.

É improvável que haja mudanças substanciais nos métodos de melhoramento, num futuro próximo, embora diversas possibilidades possam ser investigadas. Por exemplo, a produção de sementes de híbridos F_1 pode ser muito atrativa economicamente, mas pode apresentar muitas dificuldades. A produção de sementes de linhas de progênie endogâmicas, seja por repetidas autopolinizações, seja por outro método (poli-haplóides tetraplóides), não é fácil. Cruzamentos controlados também requerem o uso de gametocidas eficientes ou, ainda, o retorno das plantas para a condição de dióicas. A propagação por sementes pode facilitar o controle de viroses, mas os métodos de propagação meristemática são bastante efetivos. Existe muita variabilidade genética em octaplóides naturais que ainda não foi utilizada, tanto em espécies silvestres como em *F. ananassa*. É provável que muita variabilidade tenha sido perdida nos últimos 100 anos, em virtude das demandas

da produção comercial, que tem outras prioridades. Um dos exemplos dessa variabilidade está nas variedades americanas, as quais foram descritas, em 1870, como de sabor comparável ao das seguintes frutas: maçã, damasco, cereja, uva, amora, framboesa e abacaxi. Descontando-se o exagero, essas são algumas das indicações do que existia e não está sendo utilizado. Outras características do fruto também podem ainda estar disponíveis em octaplóides silvestres, uma vez que ambos os genitores da espécie cultivada têm uma extensa distribuição, o que corresponde a uma grande variabilidade genética. O uso de espécies diplóides, tetraplóides e hexaplóides também tem contribuído para aumentar a base genética. Decaplóides ($10x=70$) e outros poliplóides de alto grau têm sido desenvolvidos, mas as evidências até o momento são de que os octaplóides produzem melhor resultado. Outra opção para o melhoramento é o uso de octaplóides sintéticos, que, no geral, produzem similaridade de cromossomos homólogos e regularidade de meiose, e são suficientemente férteis. As características adquiridas em virtude de uso de octaplóides sintéticos e de cruzamentos multiespecíficos, entre outras técnicas, podem incluir resistência a patógenos, melhoria do sabor e firmeza do fruto e, conseqüentemente, podem aumentar a vida de prateleira (JONES, 1995).

Atualmente, o conteúdo de substâncias nutracêuticas relevantes é outra característica de importância nos critérios de seleção (VICENTE et al., 2004). Outra demanda do mercado mundial de frutas in natura, ou processadas, é a segurança da fruta e do meio ambiente, que exige uma visão diferenciada na produção. Paralelamente, no mercado interno essa exigência tem crescido entre os consumidores de frutas, principalmente in natura. O sistema de produção de morango, adotado pelo produtor, deve priorizar a utilização de métodos biorracionais de controle de pragas e doenças, minimizando o uso de produtos químicos. Ao mesmo tempo, o uso de mudas de morango comprovadamente sadias (certificadas), o emprego de técnicas adequadas de irrigação, adubação, manejo dos túneis baixos, limpeza do entorno das

áreas de produção, eliminação de folhas, talos e frutos doentes da lavoura, bem como a exclusão do lixo plástico e a adoção de técnicas conservacionistas do solo, são práticas que podem reduzir o uso de agrotóxicos e, conseqüentemente, gerar morangos mais seguros tanto do ponto de vista alimentar quanto para o meio ambiente (MATTOS, 2004).

Referências

- CAMARGO, L. de S.; ALVES, S.; ABRAMIDES, E. Ensaios de variedades de morangueiro. *Bragantia*, Campinas, SP, v. 22, p. 715-729, 1963.
- CANTILLANO, R. F. F.; BENDER, R. J.; LUCHSINGER, L. Fisiologia e manejo pós-colheita. In: FLORES-CANTILLANO, F. **Morango: pós-colheita**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2003. p. 14-24. (Frutas do Brasil, 42).
- CASTRO, R. L. de. Melhoramento genético do morangueiro: avanços no Brasil. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MORANGO, 2.; ENCONTRO DE PEQUENAS FRUTAS E FRUTAS NATIVAS DO MERCOSUL, 1., 2004, Pelotas. **Palestras...** Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2004. p. 21-36. (Embrapa Clima Temperado. Documentos, 124).
- CTENAS, M. L. de B.; CTENAS, A. C.; QUAST, D. **Frutas das terras brasileiras**. São Paulo: C2 Editora e Consultoria em Nutrição, 2000. 160 p.
- DARROW, G. M. **The strawberry: history, breeding and physiology**. New York: The New England Institute for Medical Research, 1966. 447 p.
- FURLANI, P. R.; FERNANDES JÚNIOR, F. Cultivo hidropônico de morango em ambiente protegido. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MORANGO, 2.; ENCONTRO DE PEQUENAS FRUTAS E FRUTAS NATIVAS DO MERCOSUL, 1., 2004, Pelotas. **Palestras...** Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2004. p. 101-114. (Embrapa Clima Temperado. Documentos, 124).
- GALLETA, G. J. BRINGHURST, R. S. Strawberry management. In: GALLETA, G. J.; HIMELRICK, D. G. (Ed.). **Small fruit crop management**. New Jersey: Prentice-Hall, 1990. p. 83-93.
- HANCOCK, J. F. **Plant evolution and the origin of crop species**. 2. ed. Cambridge: Prentice Hall, 2004. 305 p.
- HANCOCK, J. F.; LAVÍN, A.; RETAMALES, J. B. Our Southern strawberry heritage: *Fragaria chiloensis* of Chile. **Hortscience**, Alexandria, v. 34, n. 5, p. 814-816, 1999.
- JONES, J. K. Strawberry. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. (Ed.). **Evolution of crop plants**. London: Longman, 1995. p. 412-417.
- MADAIL, J. C. M.; REICHERT, L. J.; MARTINS, C. R. Mercado internacional e nacional. In: FLORES-CANTILLANO, F. **Morango: pós-colheita**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2003. p. 10-13. (Frutas do Brasil, 42).
- MADAIL, J. C. M.; REICHERT, L. J.; MIGLIORINI, L. C. Coeficientes técnicos para a cultura do morangueiro. In: PEREIRA, D. P.; BANDEIRA, D. L.; QUINCOZES, E. da R. F. (Ed.). **Sistema de produção do morango**, 5. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2005. Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Morango/SistemaProducaoMorango/index.htm>>. Acesso em: 9 jul. 2006.

MATTOS, M. L. T. Segurança alimentar: o caso do morango. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MORANGO, 2.; ENCONTRO DE PEQUENAS FRUTAS E FRUTAS NATIVAS DO MERCOSUL, 1., 2004, Pelotas. **Palestras...** Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2004. p. 161-168. (Embrapa Clima Temperado. Documentos, 124).

OLIVEIRA, M. A. C. de; SANTOS, A. M. dos. Classificação botânica, origem e evolução. In: SANTOS, A. M. dos ; MEDEIROS, A. R. de. (Ed.). **Morango: produção**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. p. 16-17. (Frutas do Brasil, 40).

REICHERT, L. J.; MADAIL, J. C. de M. Aspectos socioeconômicos. . In: SANTOS, A. M. dos ; MEDEIROS, A. R. de. (Ed.). **Morango: produção**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. p. 12-15. (Frutas do Brasil, 40).

SANTOS, A. M. dos. Cultivares. In: SANTOS, A. M. dos ; MEDEIROS, A. R. de. (Ed.). **Morango: produção**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. p. 24-30. (Frutas do Brasil, 40).

SANTOS, A. M. dos; MEDEIROS, A. R. M. de. Introdução. In: SANTOS, A. M. dos ; MEDEIROS, A. R. de. (Ed.). **Morango: produção**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. p. 9-11. (Frutas do Brasil, 40).

SHAW, D. V. Strawberry production systems, breeding and cultivars in California. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MORANGO, 2.; ENCONTRO DE PEQUENAS FRUTAS E FRUTAS NATIVAS DO MERCOSUL, 1., 2004, Pelotas. **Palestras...** Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2004. p. 15-20. (Embrapa Clima Temperado. Documentos, 124).

SHIMIZU, H. K. Plantio em épocas diferenciadas das tradicionais. **Revista Bioagro**, Barquisimeto, v. 1, n. 1, p. 15, jul. 2005.

VAUGHAN, J. G.; GEISSLER, C. A. **The new Oxford book of food plants**. New York: Oxford University, 1997. 237 p.

VICENTE, E.; GIMÉNEZ, G.; MANZZIONI, A.; CABOT, M. Avances del programa de mejoramiento genético de frutilla en Uruguay. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MORANGO, 2.; ENCONTRO DE PEQUENAS FRUTAS E FRUTAS NATIVAS DO MERCOSUL, 1., 2004, Pelotas. **Palestras...** Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2004. p. 37-44. (Embrapa Clima Temperado. Documentos, 124).



Orquídeas

Algo mais que belas flores

Foto: Rosa Lía Barbieri





Orquídeas

Fábio de Barros
Fábio Pinheiro
Ricardo de Azevedo Lourenço

Evolução significa modificação, transformação. Esse conceito pode ser claramente percebido em orquídeas, uma das maiores famílias de angiospermas com cerca de 24.500 espécies (DRESSLER, 2005), uma vez que a diversidade morfológica encontrada nesse grupo de plantas é altíssima, e é incrementada pelas novas espécies descritas a cada dia. Charles Darwin, considerado o pai da teoria da evolução, dedicou um livro inteiro às orquídeas, no qual discute as principais pressões evolutivas que geraram essa grande diversidade, relacionadas principalmente à polinização (DARWIN, 1877). Desde aquela época, o conhecimento sobre essa matéria aumentou consideravelmente e hoje é possível discutir, com maior segurança, muitos outros eventos que podem estar relacionados com a grande diversificação encontrada na família Orchidaceae.

Paralelamente aos estudos evolutivos realizados em populações naturais, ocorreu um aumento significativo na exploração da família, em virtude do seu valor ornamental. Na busca

de plantas que atendessem cada vez mais às necessidades estéticas e visuais dos consumidores, um grande número de híbridos tem sido produzido artificialmente por produtores e colecionadores, gerando também um universo de possibilidades de combinações de formas e cores. O número de híbridos artificiais hoje disponíveis no mercado talvez seja igual, ou até maior, que o número de espécies encontradas na natureza.

O objetivo deste capítulo é fazer uma comparação entre os processos evolutivos, envolvidos na diversificação de populações naturais, e aqueles envolvidos na formação de híbridos e de novas variedades obtidos por meios artificiais, discutindo suas dinâmicas, intensidades e possíveis semelhanças.

Características das orquídeas

Representantes da família Orchidaceae podem ser encontrados em todas as regiões vegetadas do planeta, mas com grande predominância de espécies e indivíduos nas regiões tropicais, crescendo diretamente no solo, sobre pedras, ou, principalmente, como epífitas. A região neotropical é a mais rica em espécies, destacando-se as áreas de média altitude, cobertas por matas úmidas, nebulares, como no norte da cadeia dos Andes e nos “tepuis” venezuelanos (DRESSLER, 1981), além das áreas de Mata Atlântica no Brasil (HOEHNE, 1953).

As adaptações a diferentes ambientes e diferentes polinizadores fizeram que as orquídeas desenvolvessem grande variedade de estruturas vegetativas e florais, o que, muitas vezes, dificulta reconhecer se determinada planta é ou não uma orquídea. Numerosos exemplos dessa variação podem ser vistos no estudo de Pinheiro et al. (2004). Na verdade, não há uma característica única que permita a delimitação de uma orquídea, mas sim um conjunto de características. Ademais, para algumas espécies, apenas uma análise bastante minuciosa de diferentes órgãos permite uma conclusão precisa.

As raízes das orquídeas são fasciculadas, apresentando uma ou mais camadas externas de células mortas e lignificadas, denominadas, em conjunto, velame. O velame atua como uma “esponja” que se encharca e estoca a água quando ela está disponível, até que as células vivas da raiz tenham tempo de absorvê-la. Além disso, o velame atua como uma barreira que impede a perda excessiva da água pelas raízes quando expostas ao ambiente seco. Em diversas espécies terrestres e algumas epífitas, as raízes são muito engrossadas, atuando como órgão de reserva. Em certos casos excepcionais, como o de algumas espécies áfilas de *Campylocentrum*, as raízes possuem clorofila e, por causa da ausência de folhas, é nelas que se realiza a fotossíntese.

Existem dois tipos básicos de caules em orquídeas: o monopodial e o simpodial. No crescimento monopodial (Fig. 1A), a planta cresce sempre a partir de uma mesma gema apical; já no crescimento simpodial (Fig. 1B), a gema vai sendo substituída ano a ano. Nas espécies monopodiais, o caule é uma estrutura longa e foliada. Nas simpodiais, em geral, o caule é subdividido em rizoma (a parte que cresce paralelamente ao substrato) e caule secundário (a parte que cresce, na maioria das vezes, perpendicularmente ao substrato). O caule secundário, muitas vezes, é intumescido, constituindo um órgão de reserva denominado pseudobulbo.

As folhas das orquídeas são variáveis em forma e em consistência. Normalmente, possuem nervação paralela. Podem ser muito engrossadas e carnosas, desempenhando

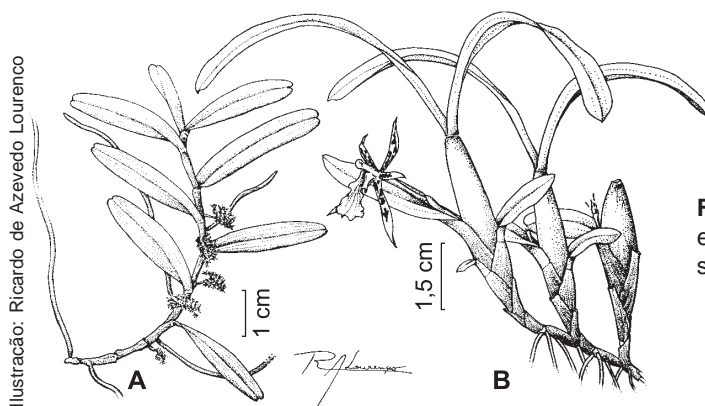


Fig. 1. Tipos básicos de crescimento em orquídeas: monopodial (A) e simpodial (B).

Ilustração: Ricardo de Azevedo Lourenco

o papel de órgãos de reserva em substituição aos pseudobulbos, e também podem apresentar apenas uma ou várias nervuras salientes.

Há diferentes tipos de inflorescências nas orquídeas, mas predominam os racemos, as espigas e as panículas (também chamadas de cachos). No racemo, as flores são pediceladas e se inserem em um único eixo a certa distância umas das outras. Na panícula, ocorre uma multiplicação do anterior, ou seja, há um conjunto de racemos inseridos em eixos com um pedúnculo comum, e a inflorescência, como um todo, assume uma forma mais ou menos piramidal. A espiga é muito semelhante ao racemo, só que as flores são sésseis, ou seja, não possuem pedicelo.

As flores são as estruturas mais notáveis e características das orquídeas, apresentando grande diversidade no tamanho e na forma de suas partes (Fig. 2 e 3). Em orquídeas, o filete e o estilete encontram-se soldados, formando uma estrutura denominada ginostêmio, popularmente conhecida como coluna (Fig. 4). Em geral, há apenas uma antera fértil, que se encontra no ápice do ginostêmio, a qual possui o formato aproximado de um capuz em cujo interior encontram-se os grãos de pólen unidos entre si por meio de uma substância chamada viscina, formando estruturas denominadas polínias. Os lobos do estigma localizam-se na face ventral do ginostêmio, em geral, numa concavidade denominada cavidade estigmática. A cavidade estigmática é coberta por uma substância viscosa que, além de permitir que as polínias fiquem coladas durante a polinização, fornece água e enzimas para a germinação dos grãos de pólen.

Nas orquídeas, assim como na maior parte das monocotiledôneas, as estruturas florais quase sempre aparecem em grupos de três ou múltiplos de três. Em famílias próximas à Orchidaceae – como Hypoxidaceae, Amaryllidaceae, Convallariaceae, Agavaceae e Hemerocallidaceae (JUDD et al., 1999) – os segmentos do perianto externo e interno não são diferenciados, possuindo três peças (tépalas) cada. Em Orchidaceae, os segmentos externo e interno do perianto são diferenciados morfológicamente, constituindo, respectivamente, as sépalas e as pétalas. Uma das pétalas,

geralmente aquela que se encontra oposta à antera fértil, é muito diferente das demais, recebendo o nome de labelo. Ela atua diretamente na atração do polinizador e em seu posicionamento adequado na flor, seja servindo como plataforma de pouso, seja guiando o polinizador para a posição exata que permite a retirada das polínias e sua posterior deposição no estigma. O labelo é a estrutura que possui a maior parte dos recursos para atrair os polinizadores, tais como néctar, óleos, ceras e aromas. Em orquídeas, raramente o pólen é coletado pelos polinizadores como recurso alimentar.

Os óvulos das orquídeas só iniciam seu desenvolvimento após a fecundação, fato que garante grande economia de energia caso a flor não seja fecundada (ARDITTI, 1992). Os frutos das orquídeas são tradicionalmente considerados como do tipo cápsula, embora a denominação não seja

Ilustração: Ricardo de Azevedo Lourenço

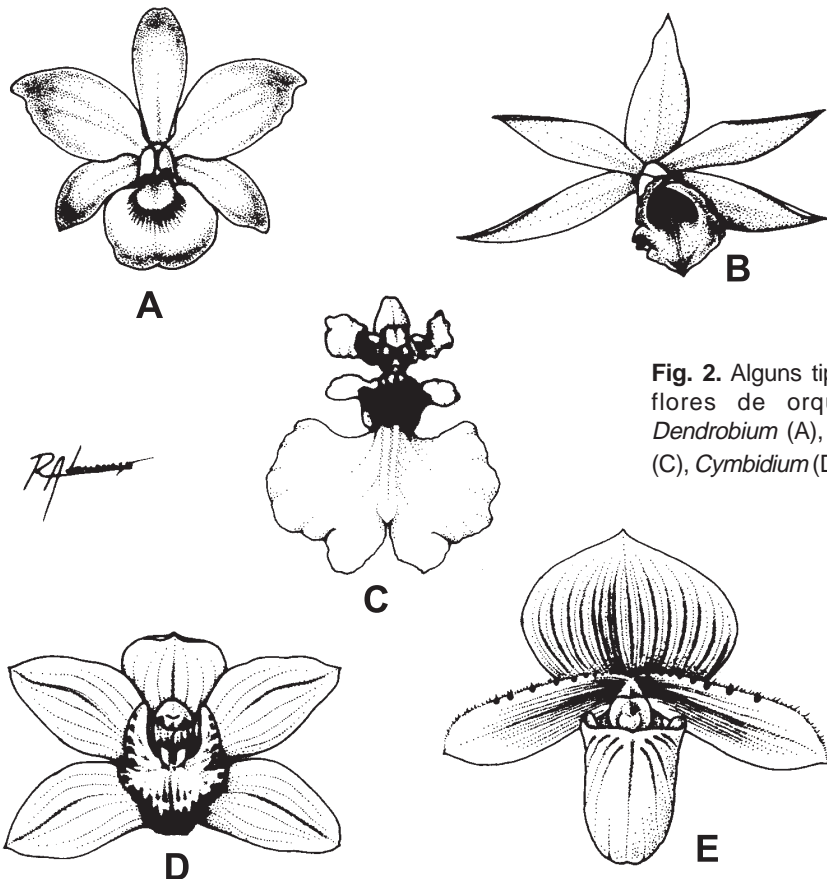


Fig. 2. Alguns tipos característicos de flores de orquídeas comerciais: *Dendrobium* (A), *Phajus* (B), *Oncidium* (C), *Cymbidium* (D) e *Paphiopedilum* (E).

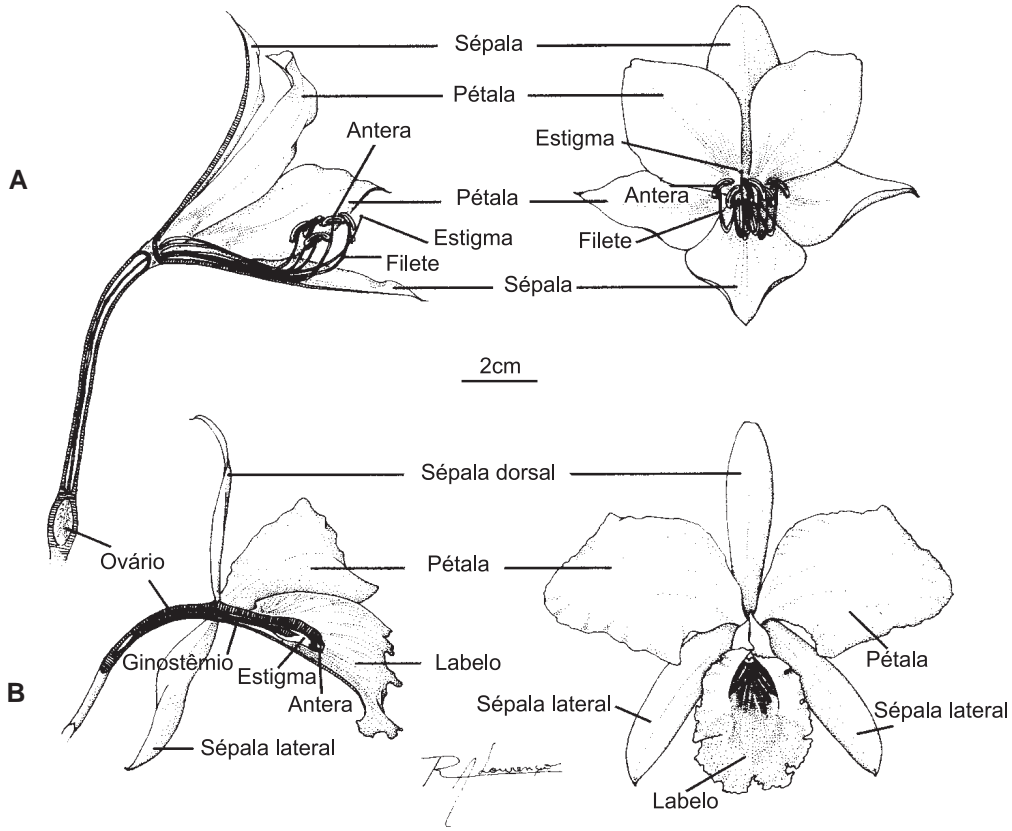


Fig. 3. Estrutura da flor de uma orquídea típica – *Cattleya* sp. – (B), em comparação com a de uma flor de uma Amaryllidaceae – *Crinum x powellii* – (A).

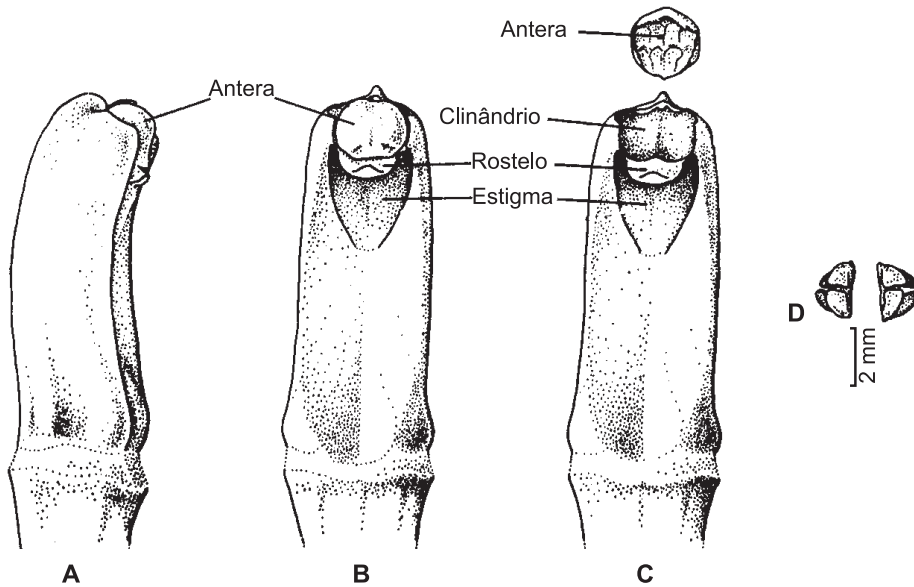


Fig. 4. Estrutura do ginostêmio (coluna) de uma orquídea e suas partes. Ginostêmio visto lateralmente (A), ventralmente (B) e ventralmente com a antera levantada (C); polínias (D).

totalmente correta, já que não são frutos secos. As sementes, com raras exceções, são minúsculas e estão entre as menores produzidas pelas plantas com flores. Consistem apenas de um embrião pouco diferenciado, envolto por uma camada de células, que constitui uma testa membranácea. As sementes mais longas raramente medem mais que 2 mm, e as mais curtas podem chegar a 0,3 mm (STOUTAMIRE, 1964). Em compensação, as sementes são produzidas aos milhares nos frutos. Withner (1959), numa revisão sobre o assunto, referiu-se à produção de 2 a 3 milhões de sementes por fruto de *Cattleya labiata* Lindl.

Em virtude do seu tamanho, as sementes das orquídeas são adaptadas à dispersão pelo vento (ARDITTI, 1992). A ausência de reservas, decorrente do pequeno tamanho, traz alguns problemas para a germinação e o estabelecimento da plântula, e o mais óbvio é a obtenção de alimento na fase inicial de crescimento, quando a plântula ainda não tem a capacidade de realizar a fotossíntese. Nessa fase, o alimento é obtido a partir de fungos que invadem as células do protocormo (o embrião em seus primeiros estágios de desenvolvimento) e permanecem no interior das raízes das plantas adultas (STOUTAMIRE, 1964). Em certo sentido, a plântula da orquídea parasita o fungo que a infecta. Conforme descreve Clements (1988), as hifas do fungo penetram pela região do suspensor, mas, quando alcançam as células do córtex, aumentam de tamanho, entram em colapso e extravasam seu citoplasma e organelas, passando por um processo de “digestão”. Essa característica faz que a germinação das orquídeas, quando em cultivo, só seja possível com técnicas laboratoriais, pois é necessário que sejam dados às sementes os recursos que ela, em ambiente natural, retiraria dos fungos infectantes.

Evolução de orquídeas em populações naturais

De acordo com Dahlgren e Clifford (1982), as orquídeas representam uma família de vegetais cuja evolução foi guiada

principalmente por uma adaptação gradual ao epifitismo e à polinização entomófila. A grande diversidade de formas e de tamanhos dos órgãos vegetativos advém das diferentes estratégias para captação eficiente de água e de nutrientes, o que é uma necessidade em plantas com hábito epifítico, presente na maior parte da família, já que 70 % das espécies são epífitas (GRAVENDEEL et al., 2004). Além disso, a grande diversidade morfológica observada na flor, principalmente no labelo e no ginostêmio, reflete adaptações que visam guiar o inseto polinizador e permitir a captação do pólen ou sua deposição no estigma de maneira bastante precisa.

O hábito epifítico

O hábito epifítico possibilita a exploração de grande variedade de nichos específicos (GENTRY; DODSON, 1987), permitindo que um número elevado de espécies possa conviver numa única árvore (GRAVENDEEL et al., 2004). A diversidade presente nas estruturas vegetativas pode ser um reflexo da especificidade que existe em relação ao local de fixação das espécies de orquídeas na árvore hospedeira, além de um dos prováveis motivos para o número tão elevado de espécies epífitas (BENZING, 1986). Os órgãos vegetativos em orquídeas estão sujeitos a diversos eventos de convergência evolutiva, uma vez que podem possuir diferentes funções em diferentes grupos de espécies. Tanto pseudobulbos quanto folhas ou raízes podem atuar na reserva de água e de nutrientes (BENZING, 1990). Existem grupos de espécies, não aparentados entre si, que são desprovidos de folhas, e com raízes fotossintetizantes, exemplificando que as mesmas adaptações podem estar presentes em grupos taxonômicos distintos (CARLSWARD et al., 2006). Eventos de especiação explosivos, que geram grande quantidade de espécies em tempo relativamente curto, parecem estar ligados a um conjunto de adaptações particulares, presentes em espécies que crescem em ramos jovens de árvores (*twig epiphytes*), tais como: hábito pequeno, tempo curto entre gerações, redução vegetativa

(ausência de folhas) e aumento de produção de raízes, características que surgiram de maneira independente em diversos grupos dentro de Orchidaceae (GRAVENDEEL et al., 2004).

Populações de espécies com hábito epifítico podem apresentar distribuição fragmentada, com populações isoladas entre si por causa da própria dinâmica das espécies arbóreas (morte de indivíduos, abertura de clareiras, etc.). Esse tipo de distribuição espacial pode ser uma das características responsáveis pela grande diversidade observada em Orchidaceae, uma vez que populações distantes entre si podem estar mais suscetíveis a processos de deriva genética (CARSON; TEMPLETON, 1984), aumentando as possibilidades de ocorrerem eventos de especiação alopátrica (BENZING, 1990). A dispersão de sementes pelo vento também pode gerar populações isoladas entre si e geneticamente distintas das demais populações, propiciando o surgimento de novas linhagens ou, até mesmo, de novas espécies, pelo processo de efeito fundador (CARSON; TEMPLETON, 1984). Espécies localizadas em populações distantes entre si garantiriam a fecundação cruzada por meio de mecanismos de polinização especializada, levando a uma situação de elevada diversificação floral que permite que a fidelidade do polinizador seja garantida (GRAVENDEEL et al., 2004).

Estratégias reprodutivas

Flores de orquídeas possuem diversas especializações, que podem fornecer diferentes tipos de recursos para os polinizadores, como óleos, ceras e néctar, ou, alternativamente, diferentes formas de enganá-los, nos casos em que não há recursos disponíveis (NILSSON, 1992). Nesta última situação, o agente polinizador é atraído, efetua a polinização e não recebe qualquer recompensa, sendo denominada polinização por engodo. Esse tipo de polinização ocorre em cerca de $\frac{1}{3}$ das espécies de

Orchidaceae, para as quais existem informações sobre a biologia reprodutiva (COZZOLINO; WIDMER, 2005).

Orquídeas polinizadas por engodo aparentemente não são mutualistas, pois existem evidências de que os insetos obtêm os recursos necessários para sua sobrevivência de outras plantas, resultando numa relação assimétrica, na qual as orquídeas são muito mais dependentes dos polinizadores para promover a fecundação cruzada do que o contrário (NILSSON, 1992). Num contexto ecológico-evolutivo, as orquídeas podem tirar proveito de condutas preexistentes nos insetos, por meio das quais eles atuariam como catalisadores dos processos evolutivos envolvidos na diversificação das espécies (SINGER; SAZIMA, 2004).

Existem dois tipos principais de “fraude”, os quais as orquídeas utilizam para enganar seus polinizadores: características na flor que imitam recursos alimentícios e determinadas características florais que estimulam o inseto a um comportamento de cópula. Esta última é denominada polinização por pseudocópula (NILSSON, 1992). Em *Bulbophyllum* e *Pleurothallis*, as flores de várias espécies mimetizam carne em decomposição: alimento de um grande número de dípteros, que são atraídos tanto pela coloração quanto pelo odor exalado pelas flores, efetuando, assim, a polinização delas sem obter nenhum recurso (BORBA et al., 1999; BORBA; SEMIR, 2001). No gênero *Ophrys*, por sua vez, o labelo possui as cores, a forma e os odores de fêmeas de certos Hymenoptera, atraindo, desse modo, machos que tentam copular com o labelo. Quando se colocam na posição de cópula, eles retiram as polínias, que são levadas a outra flor, efetivando, dessa forma, a polinização. No Brasil, há evidências de polinização por engodo nos gêneros *Trigonidium* e *Mormolyca* (KERR; LOPEZ, 1962; SINGER, 2002; SINGER et al., 2004).

Os polinizadores, por sua vez, exibem comportamentos diferentes em face de espécies que oferecem recursos de fato e daquelas polinizadas por engodo. Em flores que oferecem recurso, os polinizadores tendem a realizar visitas

mais prolongadas, visitando até mesmo diversas flores por inflorescência (COZZOLINO; WIDMER, 2005). Nesse caso, o polinizador atua intensamente em populações próximas ou numa única população, aumentando a distância genética entre orquídeas de populações distintas, uma vez que o fluxo gênico entre populações distantes entre si é baixo (COZZOLINO; WIDMER, 2005).

Em espécies polinizadas por engodo há grande variação na composição dos aromas presentes nas flores. Essa característica tende a inibir o aprendizado do inseto, o qual não consegue estabelecer um padrão de como são compostos os aromas presentes nas espécies que não possuem recursos e, assim, continua a efetuar visitas a indivíduos da espécie que o engana (NILSSON, 1992). Porém, polinizadores que visitam flores sem recurso tendem a abandonar a população rapidamente após algumas visitas, e esse comportamento possui implicação direta na variação genética, pois o fluxo gênico entre populações é maior, aumentando a variação genética dentro das populações e diminuindo a distância genética entre populações (COZZOLINO; WIDMER, 2005).

O sucesso reprodutivo, medido pelo número de frutos produzidos por indivíduo, é menor em espécies que não oferecem recurso, uma vez que o polinizador visita poucas flores por população. Porém, como o polinizador viaja grandes distâncias, visitando indivíduos em populações distintas, a taxa de fecundação cruzada é muito elevada em orquídeas sem recurso, gerando sementes com desempenho superior (COZZOLINO; WIDMER, 2005). Portanto, num primeiro momento, o que parece ser uma desvantagem pode ser, na verdade, um ganho na habilidade de promover fecundação cruzada.

Em orquídeas que não oferecem recurso, os eventos de especiação seriam do tipo simpátrico, uma vez que existe pouca diferenciação entre populações e alta diversidade dentro das populações. Como o polinizador é, nesses casos, bastante específico, bastariam pequenas modificações na

composição do aroma ou morfologia das flores para que outras espécies de polinizadores fossem atraídas para as flores (COZZOLINO; WIDMER, 2005).

Eventos de especiação em orquídeas não dependem, necessariamente, de interações espécie – específicas (uma orquídea – um polinizador), já que essas relações são pouco freqüentes (DRESSLER, 1981). Diversos apêndices no labelo, que podem abrigar recursos ou apenas simular a existência deles, têm importante papel no correto posicionamento do polinizador na flor (PIJL; DODSON, 1966), permitindo que ele retire as polínias de maneira satisfatória e as deposite corretamente no estigma de outra flor da mesma espécie. Mesmo quando não há especificidade entre polinizador e flor, pode haver especificidade na região do corpo do polinizador no qual as polínias são fixadas (SINGER; SAZIMA, 2004), e é relativamente comum que as abelhas carreguem, simultaneamente, polínias de mais de uma espécie de orquídea, cada uma em um local diferente do corpo. Nesses casos, é o local em que a polínia se fixa ao polinizador que garante a deposição do pólen em outra planta da mesma espécie, impedindo, também, que eventuais polínias de outras espécies sejam depositadas no estigma de uma determinada espécie.

A grande diversidade de espécies observada em orquídeas pode ser interpretada como uma interação de características presentes nas flores e nos órgãos vegetativos. A presença do ginostêmio, das polínias e do labelo possibilita, de maneira bastante variada, a exploração de diversos polinizadores, uma vez que bastam pequenas modificações em uma dessas estruturas, para que a maneira como a polinização é efetuada – ou o próprio agente polinizador – mude completamente. Essas modificações podem surgir com certa freqüência em populações com grau elevado de isolamento, como em espécies que possuem hábito epifítico. Tais modificações, no entanto, não ficam necessariamente restritas à população na qual surgem, uma vez que a dispersão de sementes pequenas pode gerar pequenas subpopulações em locais até então inexplorados,

dando origem a novas linhagens ou, até mesmo, a novas espécies.

A atividade humana em áreas naturais influencia fortemente a estrutura genética de populações de plantas, e uma de suas principais conseqüências é a perda de variabilidade por meio de deriva genética resultante da redução do tamanho das populações e, até mesmo, a extinção de algumas delas, principalmente nos casos de fragmentação do hábitat (COZZOLINO et al., 2003; GONZÁLEZ-ASTORGA et al., 2004; RIBEIRO et al., 2005). Segundo Fay e Krauss (2003), para que a variabilidade genética de populações naturais seja conservada, é preciso garantir a continuidade dos processos naturais responsáveis pela manutenção dessa diversidade, garantindo a interação das espécies, principalmente, em áreas de contato nas quais possam ocorrer hibridização e/ou introgressão. A identificação de diferentes populações como pertencentes a uma única espécie pode mascarar a existência de diferentes linhagens, com constituições genéticas distintas, às vezes, com origens diferentes, sendo muito importante seu reconhecimento para que medidas de conservação da diversidade possam ser implementadas (SQUIRRELL et al., 2002).

Orquídeas como plantas de interesse horticultural

Sem considerar o caso especial de algumas espécies e híbridos de *Vanilla*, cujos frutos dão origem à baunilha natural, a importância comercial das orquídeas reside, quase totalmente, em seu uso como plantas ornamentais. Embora orquídeas já fossem citadas por Confúcio cerca de meio século a.C., a “indústria” de produção de orquídeas ornamentais só teve início por volta de 1821, na Inglaterra, quando a firma Conrad Loddiges e Sons começou a produzi-las comercialmente (SHEEHAN, 1980). Hoje, o mercado de orquídeas ornamentais é

mundialmente importante, embora, no Brasil, os valores de importação e exportação de orquídeas sejam modestos (KIYUNA, 2004).

Sob esse enfoque ornamental, há pelo menos cinco vertentes para a utilização das orquídeas: a) como flores de corte; b) como plantas para comercialização em vaso; c) como plantas com flores selecionadas destinadas a exposições e constituição de matrizes; d) como plantas para colecionadores especializados; e) como plantas de jardim. Cada uma dessas finalidades impõe desafios diferentes no que diz respeito à seleção dos exemplares e à obtenção de exemplares geneticamente adequados.

A seleção de plantas para uma dessas diferentes finalidades pode ser efetuada tanto num nível taxonômico, ou seja, com o objetivo de escolher quais espécies são mais bem adaptadas para a finalidade desejada, quanto num nível genético, isto é, com o intuito de submeter uma população da espécie a uma seleção de indivíduos que se adaptem melhor à finalidade desejada.

Em se tratando de orquídeas, não existe melhoramento genético propriamente dito, porque os métodos clássicos de melhoramento são voltados, de um modo geral, para plantas das quais é possível obter gerações anuais. Nas orquídeas, pelo menos naquelas comercialmente mais importantes, uma geração pode levar de 4 a 8 anos, ou seja, a partir da sementeira, que é realizada *in vitro*, para chegar ao estado adulto, quando tem sua primeira floração e, então, pode gerar descendentes. Isso torna o processo de melhoramento extremamente moroso. Assim sendo, o “melhoramento” em orquídeas tem se baseado, historicamente, tanto na seleção de exemplares de interesse especial (seleção clonal), seguida de reprodução por clonagem, quanto na obtenção de híbridos entre espécies ou gêneros diferentes (hibridação interespecífica), com a obtenção de flores com novas características, seguida ou não de seleção clonal.

Um fator importante a se considerar na produção de “novas” orquídeas é que, nessa família de plantas, é possível obter híbridos férteis entre espécies diferentes e até entre gêneros diferentes. Isso ocorre porque barreiras genéticas entre espécies próximas praticamente inexistem e, na natureza, o isolamento entre espécies é mantido principalmente por isolamento geográfico, isolamento temporal ou barreiras baseadas nos polinizadores. Ou seja, em condições naturais, duas espécies próximas podem manter-se isoladas por diferentes mecanismos: a) porque ocupam áreas geográficas distintas; b) porque florescem em épocas diferentes; c) porque são polinizadas por agentes diferentes; d) porque, mesmo sendo polinizadas por um mesmo agente, ele tem comportamento diferente ao abordar cada uma das espécies. Por esse motivo, o ser humano consegue efetuar polinizações entre espécies que, na natureza, nunca cruzariam entre si. É claro que isso é possível dentro de determinados limites de proximidade filogenética entre as espécies consideradas.

É sabido que o cruzamento entre espécies diferentes causa queda no número de sementes viáveis, que é tanto maior, quanto mais distantes filogeneticamente elas estiverem. Aqui, no entanto, entra em cena outro aspecto da biologia das orquídeas: as sementes minúsculas e produzidas em quantidades enormes. Num fruto que tenha, por exemplo, 1 milhão de sementes (e esse é um número que pode ser alcançado por muitas espécies de orquídeas), mesmo que, após um cruzamento entre duas espécies diferentes, a viabilidade seja de apenas 10 %, ainda sobram 100 mil sementes viáveis! Como, em orquídeas, os híbridos obtidos são férteis, ao menos parcialmente, a seleção por hibridação pode ser repetida por várias gerações seguidas, o que, efetivamente, vem acontecendo. Alguns híbridos hoje disponíveis no mercado têm sua árvore genealógica enraizada em híbridos primários obtidos já na segunda metade do século 19. O primeiro híbrido artificial obtido foi *Calanthe x dominyi*, produzido em 1856 (PRIDGEON, 1992). O número de híbridos artificialmente obtidos em

orquídeas ultrapassa o de qualquer outro grupo de plantas (LENZ; WIMBER, 1959).

As sementes minúsculas das orquídeas trazem certos problemas quando se tenta, através delas, a reprodução, pois é necessário prover as plântulas dos nutrientes que, em condições naturais, seriam fornecidos pela digestão dos fungos que invadem as sementes em germinação. Isso é conseguido por meio da sementeira *in vitro*, em meios de cultura adequados e em ambiente asséptico. Isso não será discutido em detalhes aqui, mas uma revisão pormenorizada sobre o assunto é apresentada, por exemplo, no artigo de Arditti et al. (1982).

Uma vez obtidos os exemplares que atendam à finalidade que se pretende, segue-se a multiplicação para obter quantidades comercialmente viáveis. Nas orquídeas, isso é feito, em geral, pelo uso de técnicas de clonagem, utilizando-se tecido meristemático, já que o uso de outros tecidos tem se mostrado ineficaz (KERBAUY, 2004). São utilizados principalmente meristemas dos brotos novos. Por esse motivo, tal reprodução é denominada, muitas vezes, “meristemagem”. A descoberta da possibilidade de multiplicação de orquídeas por meio de pedaços de tecido cultivados *in vitro* deve-se a um acaso. Georges Morel é considerado o pioneiro na cultura de tecidos de orquídeas, mas seu trabalho pioneiro (MOREL, 1960) visava obter plantas de *Cymbidium* livres de vírus. A técnica desenvolvida por Morel e outros pesquisadores abriu novas perspectivas para a seleção de orquídeas, pois possibilitou que plantas de interesse especial pudessem ser multiplicadas aos milhares. Hoje, a cultura de tecidos de orquídeas está relativamente bem conhecida, pelo menos para muitas das plantas comercialmente importantes, como pode ser visto em Arditti e Ernst (1993).

Numa família de plantas na qual há cerca de 25 mil espécies diferentes, e em que é possível obter híbridos férteis até mesmo entre espécies de gêneros diferentes e por gerações consecutivas, o potencial para a obtenção de novidades

que agradem ao mercado é quase infinito, seja pela introdução de espécies nunca antes exploradas comercialmente, seja pela obtenção de híbridos novos ou pela seleção de plantas especiais.

Fontes de variação em orquídeas comerciais

O processo de seleção depende, em princípio, da ocorrência de variabilidade. Onde procurar tal variabilidade, visando obter novas orquídeas comercialmente interessantes? Numa primeira aproximação, a busca de novidades pode residir simplesmente na introdução de novas espécies anteriormente não exploradas comercialmente. Numa segunda aproximação, já se pode pensar na seleção de variantes dentro de materiais já explorados comercialmente. Em ambos os casos, o aproveitamento pode se dar por meio da exploração direta do material, ou pela introdução de seus genes em híbridos, ou pelas duas coisas em conjunto.

O colorido das flores é, certamente, a principal fonte de variação buscada na seleção de orquídeas. Isso seria de esperar, uma vez que o aproveitamento das orquídeas se deve, principalmente, à exuberância e à variabilidade das cores de suas flores. Variantes de colorido sempre foram muito visadas entre os colecionadores e há toda uma série de nomes associados aos extremos de variação: “alba”, “caerulea”, “semialba”, etc. Tais variantes podem aparecer espontaneamente nas populações naturais e em conjuntos de espécimes obtidos a partir de sementeira ou, no caso de híbridos, um novo colorido pode ser obtido pela infiltração de genes de espécies escolhidas para esse fim. Um dos casos mais conhecidos é o da inclusão da cor vermelha em flores de híbridos de *Cattleya* por intermédio de seu cruzamento com espécies tipicamente vermelhas como *Hadrolaelia coccinea* (= *Sophranitis coccinea*). Esse caso é um exemplo clássico, em orquídeas, da utilização do fenômeno da introgressão na obtenção de novos tipos de flores.

Introgressão é a infiltração de material genético de uma espécie em outra por meio de hibridação seguida de retrocruzamento. Parece ser um fenômeno que ocorre em populações naturais (LENZ; WIMBER, 1959; RIESEBERG, 1997; SOLIVA; WIDMER, 2003), podendo ser uma importante fonte de variação em plantas (WITHNER, 1988).

A herança das cores da flor em orquídeas é complexa. Pode estar baseada em um único gene ou em vários, os quais podem ser recessivos ou dominantes. Além disso, nesse processo, outros genes inibidores ou intensificadores podem estar envolvidos ou, ainda, pode haver variações de gênero para gênero e, até mesmo, de uma para outra parte da flor. Em *Cattleya*, por exemplo, já há muito tempo é conhecido o fato de que a herança da cor nas pétalas e sépalas é separada da herança no labelo (LENZ; WIMBER, 1959). Enquanto, em *Cattleya*, o amarelo é normalmente recessivo, em *Laelia sensu lato*, o amarelo é usualmente dominante (RACH, 2000).

As cores das flores advêm principalmente de três classes de pigmentos: a) antocianinas, que são hidrossolúveis, presentes nos vacúolos e responsáveis pelas cores na faixa do vermelho, azul, magenta e roxo; b) pigmentos derivados de carotenóides, que são lipossolúveis, presentes em corpúsculos e responsáveis por cores entre o amarelo e o laranja; c) clorofila, presente nos cloroplastos e responsável pela cor verde (RACH, 2000).

A ocorrência de poliploidia também pode ser uma fonte de variação morfológica desejável, pois as plantas poliplóides costumam ser mais robustas e apresentar flores maiores. Em híbridos, nos quais um dos pais é poliplóide, este último costuma contribuir mais para as características morfológicas da descendência.

Orquídeas como flores de corte

Flores de corte são aquelas que são retiradas da planta que lhes dá origem e comercializadas em separado. No caso de

orquídeas, tal comercialização se faz de três maneiras: a) como flores grandes, isoladas ou em inflorescências paucifloras, em embalagens únicas ou em buquês; b) como inflorescências amplas e de flores grandes, para compor arranjos; c) como inflorescências de flores pequenas destinadas a compor fundo de buquês. Nesses três casos, uma característica desejável é que as flores sejam duráveis após sua retirada da planta-mãe (durabilidade pós-colheita), mas, em outros aspectos, cada um dos casos leva a um caminho diferente na seleção das plantas ideais.

No primeiro caso (a), a seleção é feita em razão da durabilidade pós-colheita, do tamanho e colorido das flores, e da produtividade. As flores são comercializadas como componentes de buquês ou isoladas em embalagens especiais. Para essa finalidade, são comumente utilizadas, no Brasil, flores de espécies ou híbridos de *Cattleya* e *Paphiopedilum*.

No terceiro caso (b), ou seja, em relação às inflorescências de flores grandes destinadas a arranjos, as características desejáveis são semelhantes às das flores isoladas, mas o que é comercializado são as inflorescências inteiras, geralmente para compor arranjos grandes ou coroas de flores. Inflorescências de híbridos de *Cymbidium* são comuns para essa finalidade.

Quando se trata de inflorescências para fundo de buquê (c), o que se quer é um conjunto relativamente denso de pequenas flores que possa formar uma base sobre a qual se apóiam as flores maiores. Nesse caso, a seleção também deve contemplar a durabilidade pós-colheita das flores, mas, de maneira oposta aos casos anteriores, as flores devem ter tamanho pequeno; no entanto, devem aparecer em grande número e dispostas densamente. Em relação às orquídeas, essa situação é conseguida principalmente com algumas espécies do gênero *Oncidium*, como *O. flexuosum*.

Em todos os três casos, e também no próximo que será abordado, a seleção das plantas, muitas vezes obtida por

hibridação de espécies ou híbridos anteriormente estabelecidos, deve levar em conta também a época de floração. Flores ou plantas floridas produzidas nas épocas de maior procura tendem a alcançar preços melhores. São consideradas épocas de maior procura de flores, em especial, o Dia das Mães, o Dia dos Namorados e o Dia de Finados. Esta última data, porém, não tem um apelo especial para as orquídeas.

Na Europa e nos Estados Unidos, são utilizadas como flores de corte, algumas outras orquídeas não tão comuns no Brasil; é o caso de algumas espécies e híbridos de *Phalaenopsis*, *Vanda*, *Ascocenda* (= *Vanda* x *Ascocentrum*), *Arachnis*, *Aranthera* (= *Arachnis* x *Renanthera*) e *Aranda* (*Arachnis* x *Vanda*) (SHEEHAN, 1980).

Orquídeas como plantas floridas de vaso

Hoje, qualquer pessoa encontra vasos de orquídeas floridas, por um preço razoável, em floriculturas ou, até mesmo, em feiras livres, e a comercialização de orquídeas em vasos está muito disseminada, pelo menos nas grandes cidades. Isso é possível porque os produtores estão conseguindo obter grande quantidade de exemplares com técnicas modernas de cultivo e reprodução. No caso das orquídeas, essa situação era impensável até algumas décadas atrás. Em geral, tais vasos são comprados apenas como adornos floridos destinados a enfeitar salas ou festas, por pessoas sem um interesse específico em orquídeas. Sob essa ótica, os vasos são encarados como descartáveis. E muitas vezes são efetivamente descartados com o final da floração, ainda que a planta continue viva.

No Brasil, as orquídeas mais comumente cultivadas com essa finalidade são espécies ou híbridos dos gêneros *Dendrobium*, *Phalaenopsis*, *Cymbidium*, *Cattleya*, *Epidendrum* e *Hadrolaelia*. É interessante destacar o fato de os três primeiros gêneros serem asiáticos, mas extremamente bem adaptados às

nossas condições climáticas. Possivelmente, *Dendrobium nobile* (Fig. 5), conhecido popularmente como “olho-de-boneca”, e seus híbridos, sejam as orquídeas mais comercializadas para essa finalidade.

Ilustração: Ricardo de Azevedo Lourenço

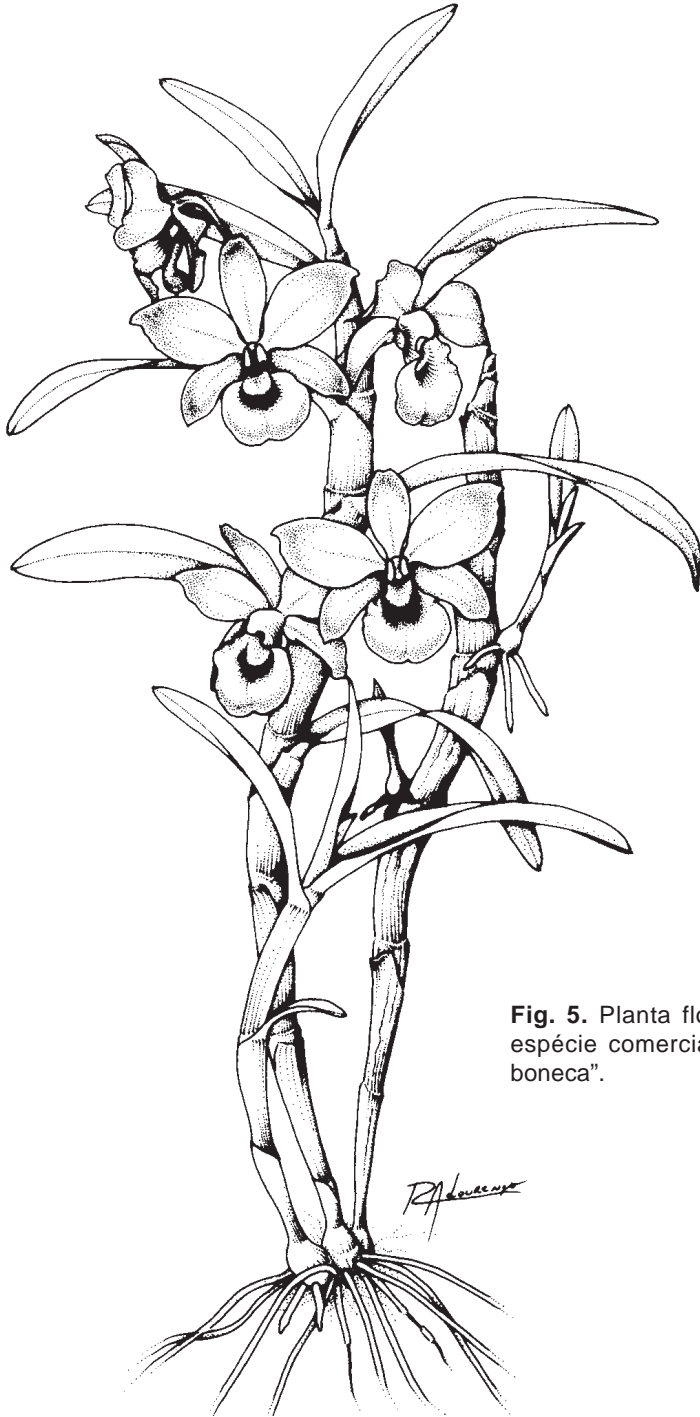


Fig. 5. Planta florida de *Dendrobium nobile*, espécie comercial conhecida como “olho-de-boneca”.

Quando se pensa em orquídeas com esse potencial, a seleção tem como objetivos: a) certa rusticidade e facilidade de cultivo; b) quantidade e tamanho das flores; c) cor das flores, que deve ser chamativa; d) distribuição das flores na planta; e) durabilidade das flores.

Por intermédio de hibridações controladas, seguidas de propagação por cultura de tecido em larga escala, os produtores estão conseguindo obter plantas rústicas e extremamente floríferas, que chegam aos pontos de venda por preços muito baixos, a partir do equivalente a cerca de 4 dólares.

Orquídeas como matrizes e plantas para exposição

Assim como ocorre com animais de criação, como cachorros, gatos, bois e ovelhas, há padrões de “raça” e beleza nas orquídeas. Há um mercado especializado de orquídeas, as quais se destinam à exibição em exposições ou à constituição de matrizes para a obtenção de novos híbridos.

Em exposições de orquídeas, é comum que os visitantes encontrem, entre as orquídeas expostas, plaquinhas de premiação, indicando o primeiro, segundo ou terceiro lugares. Eles poderão estranhar também o fato de haver mais de uma planta com a mesma colocação. Qual o significado disso?

A premiação significa que juízes especialmente treinados indicaram aquelas plantas como as melhores na exposição. É lógico que num mundo vasto como o das orquídeas, com flores que chegam a mais de 10 cm de diâmetro e outras com cerca de 1,5 mm, as flores não podem ser julgadas todas num mesmo lote, assim como um cão da raça Poodle não é julgado junto com um da raça Fila. Levando isso em consideração, foram estabelecidas categorias de plantas semelhantes. Cada planta é julgada dentro de sua respectiva categoria. Por esse motivo, nas

exposições podem ser encontradas orquídeas com a mesma classificação, pois cada uma corresponderá a uma categoria diferente.

Os padrões de julgamento variam de categoria para categoria. O que se espera é que a planta premiada expresse, da melhor maneira possível, o potencial de sua espécie e de sua categoria. Em plantas que possuem flores pequenas em inflorescências, por exemplo, espera-se que a inflorescência seja ampla e densa, que as flores sejam bem distribuídas, numerosas e com colorido compatível com a espécie a que pertencem. Já em plantas com flores grandes e pouco numerosas, espera-se que as flores sejam bem armadas, bem distribuídas, com peças florais espessas e colorido compatível com a espécie. Os juízes estão acostumados a ver e comparar plantas nas exposições e devem ter na memória os padrões ideais de cada categoria. Além disso, algumas entidades como a American Orchid Society, dos Estados Unidos, e a Royal Horticultural Society, da Inglaterra, publicam periodicamente álbuns com fotografias das plantas premiadas para servirem de modelo comparativo.

O padrão de flor ideal, para a maioria das plantas economicamente importantes, pode ser exemplificado pelo padrão de *Cattleya* (Fig. 6). De acordo com esse

Ilustração: Ricardo de Azevedo Lourenço

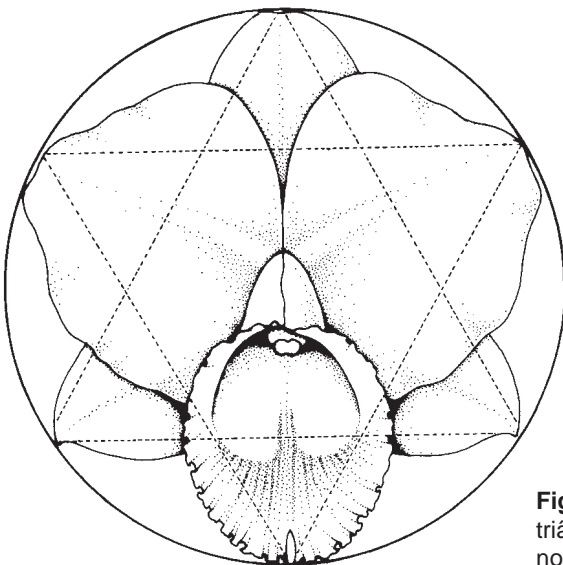


Fig. 6. Uma flor de *Cattleya* mostrando os dois triângulos invertidos virtuais, que são utilizados no julgamento das flores.

padrão, a flor “perfeita”, vista de frente, deve preencher, o mais precisamente possível, um círculo cujo centro é o ponto de inserção do ginostêmio. As pétalas (incluindo o labelo) e as sépalas devem ter seu ápice apontado para os vértices de dois triângulos equiláteros imaginários e opostos; as pétalas devem cobrir o mais possível o espaço entre as sépalas, e não devem deixar vãos.

Olhando lateralmente a flor, as pétalas e as sépalas devem estar o mais possível em um mesmo plano. Além desses atributos de forma, são levados em consideração alguns outros aspectos da flor, como a textura, a substância, a cor, a quantidade e a distribuição das flores na inflorescência. A substância é dada pela espessura ou carnosidade do tecido das pétalas e sépalas; numa flor com boa substância, essas peças devem ser sólidas e firmes. A textura é dada pelo viço e pela aparência da superfície floral, que pode ser aveludada, cerosa, perolada, etc. Embora flores grandes sejam desejáveis, o tamanho não deve ser obtido em detrimento do formato e do equilíbrio da flor (ORCHID SOCIETY OF SOUTH EAST ASIA, 1993).

Quando uma planta, em um lote de sementeira, é considerada de qualidade superior, pode vir a constituir uma cultivar (ou variedade cultivada) e receber um nome que passa a acompanhar todos os seus clones. O nome da cultivar é indicado após o nome da espécie ou híbrido, entre aspas simples. Assim, por exemplo: *Hadrolaelia praestans* ‘Penta’.

Nas exposições em que há julgamento de plantas, essas características são levadas em consideração e as plantas recebem pontuações para cada item. Esses pontos darão origem a uma nota final que permite a comparação entre as diferentes plantas em julgamento. Há diferentes sistemas de notas, mas, talvez, o mais amplamente divulgado seja o da American Orchid Society (AOS). Nele, há um montante de pontos atribuídos a cada um dos seguintes itens: forma da flor, cor da flor, tamanho da flor, substância e textura da flor, e quantidade de flores. O somatório dessas pontuações parciais pode alcançar, no máximo, 100 pontos. Plantas com pontuações altas podem receber distinções especiais: FCC

(First Class Certificate), se alcançarem de 90 a 100 pontos; AM (Award of Merit), se de 80 a 89 pontos; e HCC (Highly Commended Certificate), se de 15 a 19 pontos. Há, ainda, outras distinções que independem de pontuação: JC (Judges Commendation), para híbridos promissores; CCM (Certificate of Cultural Merit), para plantas especialmente bem cultivadas; e CHM (Certificate of Horticultural Merit) para plantas que apresentem alto potencial horticultural. As siglas dessas distinções podem passar a acompanhar o nome das plantas em publicações ou em novas exposições. Assim, por exemplo: *Stanhopea nigripes* 'Linda' CHM/AOS.

Na verdade, o julgamento durante as exposições leva em consideração alguns outros pontos além da forma das flores, como fitossanidade, mas plantas com flores “perfeitas” possuem o potencial para serem premiadas e para transmitirem suas características positivas aos descendentes e, por isso, são valorizadas.

Produtores especializados sempre procuram trazer para as exposições novidades com base nesses critérios de perfeição, pois plantas premiadas agregam valor ao seu preço e ao de seus descendentes, de maneira semelhante ao que ocorre, por exemplo, com touros reprodutores.

Orquídeas para colecionadores especializados

Há alguma sobreposição deste item com o anterior, pois colecionadores podem especializar-se em plantas premiadas, mas aqui serão considerados aqueles casos de colecionadores de espécies naturais de orquídeas. Como regra geral, mas não absoluta, pode-se afirmar que as orquídeas nativas são sempre menos chamativas e produzem flores menores que suas equivalentes selecionadas. Isso faz que o mercado de plantas nativas seja mais restrito que o de plantas selecionadas, porque só alguns colecionadores comprarão certas orquídeas de flores pequenas e pouco vistosas. Algumas delas nem sequer podem ser consideradas como objetos de floricultura.

Colecionadores, independentemente da coleção que possuem, estão sempre procurando novidades, e os orquidófilos (coleccionadores de orquídeas) não fogem à regra. Por isso, novas espécies vão sendo sempre adicionadas às listas de espécies comercializadas.

É importante destacar que, quando se fala em orquídeas nativas, o que se tem em mente são as espécies que ocorrem naturalmente, ou seja, as que se originaram sem interferência humana. Não estamos falando de orquídeas retiradas diretamente do ambiente natural, mesmo porque tal tipo de coleta constitui crime ambiental. Estamos tratando de espécies que ocorrem espontaneamente em ambiente natural, mas obtidas a partir de exemplares cultivados.

Orquídeas como plantas de jardim

Neste caso, a seleção privilegia plantas rústicas e, preferencialmente, terrestres, que sejam resistentes ao sol, cujas flores sejam suficientemente grandes, vistosas ou numerosas, para que sejam vistas de certa distância. Isso se obtém com a simples escolha das espécies ou híbridos adaptados a essas condições, não havendo seleção genética.

Há várias espécies que atendem aos requisitos citados acima. No Brasil, *Arundina bambusifolia* já é relativamente comum nos jardins, mas outras espécies aparecem com certa frequência, como *Phajus tankervilleae*, *Vanda teres*, *Paphiopedilum insigne* e *Epidendrum secundum*, além de alguns híbridos envolvendo uma destas duas últimas espécies. Menos comuns são algumas orquídeas epífitas, como *Oncidium flexuosum* e *Dendrobium nobile*, que são plantadas sobre árvores ou arbustos do jardim.

O uso de orquídeas em jardins públicos e praças ainda traz alguns problemas pelo fato de serem retiradas por frequentadores menos educados. No entanto, há locais como a cidade de Maripá, em Santa Catarina, onde várias árvores nas ruas trazem belos exemplares de *Dendrobium nobile*.

Referências

- ARDITTI, J.; CLEMENTS, M. A.; FAST, G.; HADLEY, G.; NISHIMURA, G.; ERNST, R. Orchid seed germination and seedling culture: a manual. In: ARDITTI, J. **Orchid biology: reviews and perspectives**, II. Ithaca: Cornell University Press, 1982. p. 243-370.
- ARDITTI, J.; ERNST, R. **Micropropagation of orchids**. New York: J. Wiley, 1993. 682 p.
- ARDITTI, J. **Fundamentals of orchid biology**. New York: J. Wiley, 1992. 691 p.
- BENZING, D. H. The genesis of orchid diversity: emphasis on floral biology leads to misconceptions. **Lindleyana**, Delray Beach, v. 1, p. 73-89, 1986.
- BENZING, D. H. **Vascular epiphytes: general biology and related biota**. Cambridge: Cambridge University Press, 1990. 354 p.
- BORBA, E. L.; SEMIR, J. Pollinator specificity and convergence in fly-pollinated *Pleurothallis* (Orchidaceae) species: a multiple population approach. **Annals of Botany**, Oxford, v. 88, p. 75-88, 2001.
- BORBA, E. L.; SHEPHERD, G. J.; SEMIR, J. Reproductive systems and crossing potential in three species of *Bulbophyllum* (Orchidaceae) occurring in Brazilian campo rupestre vegetation. **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 217, p. 205-214, 1999.
- CARLSWARD, B. S.; WHITTEN, W. M.; WILLIAMS, N. H.; BYTEBIER, B. Molecular phylogenetics of Vandaeae (Orchidaceae) and the evolution of leaflessness. **American Journal of Botany**, St. Louis, v. 93, p. 770-786, 2006.
- CARSON, H. L.; TEMPLETON, A. R. Genetic revolutions in relation to speciation phenomena: the founding of new populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 15, p. 97-131, 1984.
- CLEMENTS, M. A. Orchid mycorrhizal associations. **Lindleyana**, Delray Beach, v. 3, p. 73-86, 1988.
- COZZOLINO, S.; NOCE, M. E.; MUSACCHIO, A.; WIDMER, A. Variation at a chloroplast minisatellite locus reveals the signature of habitat fragmentation and genetic bottlenecks in the rare orchid *Anacamptis palustris* (Orchidaceae). **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 90, p. 1.681-1.687, 2003.
- COZZOLINO, S.; WIDMER, A. Orchid diversity: an evolutionary consequence of deception? **Trends in Ecology and Evolution**, Amsterdam, v. 20, p. 487-494, 2005.
- DAHLGREN, R. M. T.; CLIFFORD, H. T. **The monocotyledons: a comparative study**. London: Academic Press, 1982. 378 p.
- DARWIN, C. R. **The various contrivances by which orchids are fertilized by insects**. London: Murray, 1877. 300 p.
- DRESSLER, R. L. How many orchid species? **Selbyana**, Sarasota, v. 26, p. 155-158, 2005.
- DRESSLER, R. L. **The orchids: natural history and classification**. Cambridge: Cambridge University Press, 1981. 332 p.
- FAY, M. F.; KRAUSS, S. L. Orchid conservation genetics in the molecular age. In: DIXON, K. W.; KELL, S. P.; BARRETT, R. L.; CRIBB, P. J. **Orchid conservation**. Sabah: Natural History Publications, 2003. p. 91-112.
- GENTRY, A. H.; DODSON, C. H. Diversity and biogeography of neotropical vascular epiphytes. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, St. Louis, v. 74, p. 205-233, 1987.

GONZÁLEZ-ASTORGA, J.; CRUZ-ANGÓN, A.; FLORES-PALACIOS, A.; VOVIDES, A. P. Diversity and genetic structure of the Mexican endemic epiphyte *Tillandsia achyrostachys* E. Morr. ex Baker var. *achyrostachys* (Bromeliaceae). **Annals of Botany**, Oxford, v. 94, p. 545-551, 2004.

GRAVENDEEL, B.; SMITHSON, A.; SLIK, F. J. W.; SCHUITEMAN, A. Epiphytism and pollinator specialization: drivers for orchid diversity? **Philosophical Transactions of the Royal Society of London**, London, v. 359, p. 1.523-1.535, 2004.

HOEHNE, F. C. Orchidaceas. In: HOEHNE, F. C. **Flora brasílica**, São Paulo: Secretaria da Agricultura, Indústria e Comércio, 1953. v. 12. p. 1-397.

JUDD, W. S.; CAMPBELL, C. S.; KELLOGG, E. A.; STEVENS, P. F. **Plant systematics**: a phylogenetic approach. Sunderland: Sinauer, 1999. 464 p.

KERBAUY, G. Estágio atual do emprego de técnicas biotecnológicas para pesquisa em plantas orquídeas. In: BARROS, F.; KERBAUY, G. B. **Orquidologia sul-americana**: uma compilação científica. São Paulo: Secretaria do Meio Ambiente, 2004. p. 51-58.

KERR, W. E.; LOPEZ, C. R. Biologia da reprodução de *Trigona (Plebeia) droryana* F. Smith. **Revista Brasileira de Biologia**, São Carlos, v. 22, p. 335-341, 1962.

KIYUNA, I. O mercado brasileiro de orquídeas e de outras flores. In: BARROS, F.; KERBAUY, G. B. **Orquidologia sul-americana**: uma compilação científica. São Paulo: Secretaria do Meio Ambiente, 2004. p. 165-173.

LENZ, L. W.; WIMBER, D. E. Hybridization and inheritance in orchids. In: WITHNER, C. L. **The orchids**: a scientific survey. New York: The Ronald, 1959. p. 261-314.

MOREL, G. Producing virus-free cymbidiuns. **American Orchid Society Bulletin**, West Palm Beach, v. 29, p. 495-497, 1960.

NILSSON, L. A. Orchid pollination biology. **Trends in Ecology and Evolution**, London, v. 7, p. 255-259, 1992.

ORCHID SOCIETY OF SOUTH EAST ASIA. **Orchid growing in the tropics**. Singapore, 1993. 207 p.

PINHEIRO, F.; BARROS, F.; LOURENÇO, R. A. O que é uma orquídea? In: BARROS, F.; KERBAUY, G. B. **Orquidologia sul-americana**: uma compilação científica. São Paulo: Secretaria do Meio Ambiente, 2004. p. 11-33.

PRIDGEON, A. **The illustrated encyclopaedia of orchids**. Portland: Timber, 1992. 304 p.

PIJL, L. van der; DODSON, C. H. **Orchid flowers**: their pollination and evolution. Coral Gables: University of Miami Press, 1966. 214 p.

RACH, N. **Colors within the Cattleya alliance**. Disponível em <<http://autrevie.com/Articles/CattleyaColors.html>>. 2000. Acesso em: 15 ago. 2006.

RIBEIRO, R. A.; RAMOS, A. C. S.; LEMOS FILHO, J. P.; LOVATO, M. B. Genetic variation in remnant populations of *Dalbergia nigra* (Papilionoideae), na endangered tree from the Brazilian Atlantic Forest. **Annals of Botany**, Oxford, v. 95, p. 1.171-1.177, 2005.

RIESEBERG, L. H. Hybrid origins of plant species. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**, Palo Alto, v. 28, p. 359-389, 1997.

SHEEHAN, T. J. Orchids. In: Larson, R. A. **Introduction to floriculture**. New York: Academic Press, 1980. p. 133-164.

SINGER, R. B.; FLACH, A.; KOEHLER, S.; MARSAIOLI, A. J.; AMARAL, M. C. E. Sexual mimicry in *Mormolyca ringens* (Lindl.) Schltr. (Orchidaceae: Maxillariinae). **Annals of Botany**, Oxford, v. 93, p. 755-762, 2004.

- SINGER, R. B. The pollination mechanism in *Trigonidium obtusum* Lindl. (Orchidaceae: Maxillariinae): sexual mimicry and trap-flowers. **Annals of Botany**, Oxford, v. 89, p. 157-163, 2002.
- SINGER, R. B.; SAZIMA, M. Abelhas Euglossini como polinizadoras de orquídeas na região de Picinguaba, São Paulo, Brasil. In: BARROS, F., KERBAUY, G. B. **Orquidologia sul-americana: uma compilação científica**. São Paulo: Secretaria do Meio Ambiente, 2004. p. 175-187.
- SOLIVA, M.; WIDMER, A. Gene flow across species boundaries in sympatric, sexually deceptive *Ophrys* (Orchidaceae) species. **Evolution**, Lancaster, v. 57, p. 2.252-2.261, 2003.
- SQUIRRELL, J.; HOLLINGSWORTH, P. M.; BATEMAN, R. M.; TEBBITT, M. C.; HOLLINGSWORTH, M. L. Taxonomic complexity and breeding system transitions: conservation genetics of the *Epipactis leptochila* complex (Orchidaceae). **Molecular Ecology**, Oxford, v. 11, p. 1.957-1.964, 2002.
- STOUTAMIRE, W. P. Seeds and seedlings of native orchids. **The Michigan Botanist**, Ann Arbor, v. 3, p. 107-119, 1964.
- WITHNER, C. L. **The Cattleyas and their relatives**. The Cattleyas. Portland: Timber, 1988. v. 1. 147 p.
- WITHNER, C. L. Orchid physiology. In: WITHNER, C.L. **The orchids: a scientific survey**. New York: The Ronald, 1959. p. 315-360.





P almito

Domesticação em paisagem natural

Foto: Emerson Ferreira



P almito

Maurício Sedrez dos Reis
Alexandre Mariot
Adelar Mantovani

As florestas tropicais apresentam, em sua composição, grande diversidade de espécies, muitas das quais com grande potencial de uso (não madeireiro e/ou madeireiro). No entanto, a utilização econômica da floresta tem sido associada principalmente a produtos madeireiros, e sua extração realizada, historicamente, de forma predatória. Além disso, a demanda cada vez mais intensa por ambientes conservados e a escassez de produtos florestais têm gerado grande conflito em relação ao destino dos remanescentes florestais. Um dos caminhos para que se concilie a conservação e o uso dos seus recursos é o manejo racional ou sustentável das populações naturais. No entanto, as populações naturais das espécies de interesse, especialmente no âmbito da área de Domínio da Mata Atlântica, estão agora restritas a poucos remanescentes florestais. Essas comunidades vegetais são dotadas de grande complexidade ecológica e exigem conhecimento detalhado de suas relações e da biologia de cada espécie a

ser utilizada. Embora haja demanda por vários produtos florestais, o conhecimento da biologia das espécies de interesse ainda é deficiente e não permite a elaboração de estratégias de manejo que possam garantir a sustentabilidade do recurso na grande maioria das situações. Nesse contexto, a palmeira *Euterpe edulis* Martius (palmiteiro) se caracteriza como uma exceção entre as espécies da Mata Atlântica. Trabalhos de pesquisa visando ao uso sustentável da espécie dentro da floresta vêm sendo realizados desde 1981 e, atualmente, o grande volume de estudos realizados permite a exploração dos recursos da espécie no ambiente dos remanescentes florestais da Mata Atlântica com rentabilidade econômica, sustentabilidade ecológica e suporte legal.

Este capítulo traz informações sobre o histórico de uso e o processo de domesticação desta espécie, em um sistema de exploração (manejo) de suas populações naturais, fundamentado nas características ecológicas da espécie, de maneira que ela possa ser manejada (ou “cultivada” no sentido de cuidado e conservação) no ambiente dos remanescentes florestais, sem perder de vista seu uso econômico.

História de uso e importância

A utilização do palmiteiro é relatada há muito tempo, isto é, desde a chegada dos portugueses na costa brasileira. Numa das expedições de Pero Vaz de Caminha, quando sua tripulação chegou a Porto Seguro, BA, “os tripulantes abateram árvores novas para lenha e derrubaram palmeiras para extrair palmito” (DEAN, 1996). Tal utilização foi fruto do aprendizado sobre o uso da flora com os povos locais, pois o palmiteiro era um componente das estratégias de subsistência dos primeiros povos que habitaram as florestas do centro, do Sudeste e do Sul do Brasil.

Segundo Reis e Reis (2000), a utilização comercial efetiva se iniciou no século 20. Até a década de 1930 e/ou de 1940, o

palmito era apenas comercializado em feiras, de forma esporádica, na maioria das cidades e, de forma mais intensa, nos maiores mercados consumidores (capitais e grandes cidades do Sul e do Sudeste). A partir da década de 1940, várias indústrias de conserva foram implantadas em Santa Catarina (litoral norte e Vale do Rio Itajaí), no litoral do Paraná e no Vale do Ribeira, em São Paulo. Essas empresas alteraram o processo de produção, passando a funcionar como pólos centralizadores da matéria-prima, estimulando o corte do palmito e intensificando a comercialização do produto.

No início, o palmito era extraído num processo que incluía retorno a cada área em médio ou longo prazo. Mas a pressão exercida pela produção industrial de palmito introduziu a extração intensiva e em larga escala já na década de 1930, segundo Cervi (1996). A abundância de palmitos na região, a forte demanda pelo produto e a facilidade inicial da exploração e do processamento ofereceram suporte para a rápida proliferação de fábricas de palmito em conserva. Esse tipo de exploração teve lugar principalmente nas grandes propriedades, onde as empresas de produção de conserva compravam o estoque de palmitos existente. A falta de vínculo com a produção futura dessas florestas, decorrente do tipo de exploração do produto, levou à devastação das populações naturais de palmito, assim como de vários outros recursos florestais em grande parte do Sul e do Sudeste do País. A devastação da Mata Atlântica e o crescente consumo de palmito levaram à drástica redução das populações naturais da espécie no último terço do século 20. Com isso, muitas empresas de exploração de palmito migraram para o estuário do Rio Amazonas em busca de matéria-prima similar, como o açazeiro (*E. oleracea* Martius), embora sua qualidade fosse inferior.

Obviamente, nas várias áreas onde a agricultura intensiva já havia se estabelecido e, portanto, nas quais a floresta estava suprimida desde o século 19, ou início do século 20 (principalmente nas formações decíduais ou semidecíduais

nos estados de São Paulo, de Minas Gerais, do Paraná e de Santa Catarina, de acordo com DEAN, 1996), já não mais havia populações naturais da espécie, mesmo antes do início da exploração intensiva. Assim, a expansão da fronteira agrícola na área de Domínio da Mata Atlântica – com conseqüente desmatamento –, principalmente antes das décadas de 1930 e 1940, foi responsável pela redução das populações naturais da espécie, segundo Reis e Reis (2000).

A percepção social da forte redução da área com cobertura florestal no âmbito do Domínio da Mata Atlântica trouxe consigo a necessidade de restrições legais de exploração de recursos florestais e exigiu o desenvolvimento de tecnologias sustentáveis de exploração. Os estudos realizados pelo Instituto Agronômico de Campinas e Instituto Florestal de São Paulo, desde a década de 1970, e os estudos do Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais da Universidade Federal de Santa Catarina, a partir da década de 1980, foram de grande importância para a criação de uma massa crítica que permitisse fundamentar políticas, ações e legislações, visando à obtenção racional do produto.

Embora a possibilidade do manejo sustentável da espécie seja evidente (REIS et al., 2000a; FANTINI et al., 2000; PEREIRA, 2000; RIBEIRO; ODOROZZI, 2000), o corte de todos os indivíduos das populações nativas de palmitreiro, incluindo as plantas que produzem sementes, foi e ainda é uma prática comum (REITZ et al., 1978; NODARI; GUERRA, 1986; GALLETI; CHIVERS, 1995; ODORIZZI; RIBEIRO, 1998). A produção clandestina de palmito, que inclui a exploração excessiva e o roubo, e o seu posterior processamento e comercialização ilegais impõem restrições à adoção de práticas de manejo em vários locais.

Apesar de o caráter predatório da exploração contribuir para a degradação da Floresta Tropical Atlântica, *E. edulis* apresenta um grande potencial para utilização como modelo de manejo de populações naturais de forma sustentável. Tal aspecto se deve aos seguintes fatores: a) grande abundância no sub-bosque de toda área coberta

pelo domínio da Floresta Tropical Atlântica; b) grande capacidade de regeneração natural em populações naturais; c) fácil comercialização; d) intensa interação com a fauna (REIS; REIS, 2000).

O papel ecológico da espécie e sua grande abundância no estrato médio da Mata Atlântica colocam *E. edulis* numa posição estratégica para conservação desse ecossistema. Também Kageyama e Gandara (1993) e Reis et al. (2000a) discutem a importância da utilização do palmiteiro como um referencial de espécie comum (com alta frequência e abundância), para a definição de estratégias que visem à conservação e ao manejo de ecossistemas tropicais.

Conforme discutido por Reis e Reis (2000), o elevado valor comercial, o ciclo relativamente curto e a grande abundância de indivíduos dentro das florestas são fatores que favorecem a utilização de um sistema de manejo sustentável para as populações naturais da espécie. Os resultados obtidos a partir dos vários estudos com a espécie permitiram o estabelecimento de regulamentações visando à exploração sustentável das populações naturais do palmiteiro nos estados de São Paulo (Resolução SMA nº 16, 21/6/1994), de Santa Catarina (Resolução CONAMA nº 294/2001), do Paraná (Resolução nº 031/1998 SEMA) e do Rio Grande do Sul (Decreto Estadual nº 38.355, 1/4/1998).

Em relação aos produtos utilizados a partir da espécie, o palmito é o principal produto extraído do palmiteiro. Pode ser consumido in natura ou em conservas e constitui um alimento requintado e saboroso, largamente consumido no País e no exterior. As bainhas foliares mais internas também são utilizadas para pastas, farinhas, sopas e molhos (DETONI JUNIOR, 1987), e os botões florais são usados para fazer doces, para dar gosto a saladas finas ou enfeitá-las (CARVALHO, 1994).

Além da aplicação alimentícia do palmiteiro, a planta também é de grande uso paisagístico, principalmente no Sul do País. Os troncos (estipes) duros de plantas adultas

são empregados em construções rurais e também nas cidades, fornecendo esteios para andaimes, caibros, sarrafos para telhados (ripas), calhas para aquedutos rústicos, sarrafos para cercas, material para estivados e lenha, além do fabrico de chapas de aglomerado e celulose (REITZ, 1974; CARVALHO, 1994). As folhas são utilizadas na cobertura de ranchos e como forrageira para alimentação animal. O fruto é um rico alimento para suínos e aves, além de servir de adubo (REITZ, 1974; CARVALHO, 1994).

O caule novo, ao ser espremido, produz um suco que, colocado sobre qualquer ferimento, faz que o sangue seja estancado imediatamente, secando a ferida em poucas horas, apesar de produzir forte odor (REITZ, 1974). Além disso, é indicado também contra dores de barriga, no controle de hemorragias e como antídoto para picada de cobras (DI STASI et al., 2002). No artesanato, suas folhas são usadas para a confecção de cadeiras de palha.

Em relação à apicultura, o palmitreiro é um grande produtor de pólen (CARVALHO, 1994). Nos últimos anos, essa palmeira também tem sido utilizada para o enriquecimento de florestas nativas e exóticas, pois atrai e mantém polinizadores, dispersores e predadores de sementes, importantes atores no papel de recuperação de áreas perturbadas (NODARI et al., 1987; CARVALHO, 1994). Os seus frutos são muito apreciados por pássaros (ex.: periquitos, sabiás, sanhaços, gralhas-azuis, tucanos e jacus), morcegos, répteis (ex.: lagartos) e mamíferos (ex.: cutia, paca, esquilos, veados, graxains, porcos-do-mato e antas) (REIS; KAGEYAMA, 2000).

Hoje a exploração dos palmitais nativos é possível por meio de planos de manejo sustentado, previstos nas legislações dos estados do Rio Grande do Sul, de Santa Catarina, do Paraná e de São Paulo, como mencionado anteriormente. Porém, a ilegalidade do processo de exploração de palmito é, predominantemente, o que continua exaurindo os palmitais nativos. Atualmente,

restam poucas populações naturais bem conservadas, e frequentemente são encontradas populações sem plantas matrizes.

No entanto, apesar de predatória a exploração do palmiteiro é a principal fonte de renda para várias comunidades, especialmente na região do Vale do Ribeira, localizada no sul do Estado de São Paulo, no litoral norte do Estado do Paraná e na região nordeste de Santa Catarina, garantindo o sustento de várias famílias de baixa renda.

Taxonomia

O trabalho de Martius (1823–1853), no século 19, foi a primeira grande contribuição na classificação das palmeiras. No seu trabalho, Martius considerou as palmeiras como uma ordem, dividida em cinco famílias: Lepidocaryneae (ex.: *Mauritia*), Borassineae (ex.: *Latania*), Coccoineae (ex.: *Cocos*, *Arecastrum*, *Bactris*, *Attalea* e *Astrocaryum*), Arecineae (ex.: *Euterpe*, *Geonoma* e *Areca*) e Coryphineae (ex.: *Chamaedorea*). Essas famílias foram divididas em tribos, e estas últimas em subtribos. Alves e Demattê (1987) citam que Blume elaborou uma nova classificação, baseada nos trabalhos de Martius e em outros, os quais serviram de base para o trabalho de Wendland. Essa classificação agrupou as cinco famílias determinadas por Martius, de caracteres bastante distintos, em apenas dois grupos, Arecaceae e Cocaceae. Baseado nos trabalhos de Salomon, Oskar Drude, citado por Alves e Demattê (1987), propôs uma nova classificação para as palmeiras, que difere da classificação proposta por Martius, uma vez que abrange um número bem maior de gêneros e considera as cinco famílias de Martius como quatro subfamílias, agrupando *Areca* e *Coccoineae* em uma única subfamília. A seguir, estão as quatro subfamílias propostas por Drude, suas respectivas tribos e alguns exemplos: subfamília Coryphineae, tribos Phopeniceae (*Phoenix*) e Sabaleae (*Copernicia*); subfamília Lepidocaryneae, tribos

Calameae (*Eugeissona*), Raphieae (*Raphia*) e Mauritieae (*Mauritia*); subfamília Borassineae, tribo Borasseae (*Latania*); e subfamília Ceroxylineae, tribos Coccoineae (*Acrocomia*, *Astrocaryum*, *Attalea*, *Bactris*, *Cocos* e *Elaeis*), Arecineae (*Euterpe*, *Aconthophoenix* e *Areca*), Geonomeae (*Geonoma*), Hyophorbeae (*Chamaedorea*), Iriarteae (*Iriartea*) e Caryoteae (*Caryota*). Alves e Demattê (1987), citando os trabalhos de Takhtajan e Cronquist, propuseram uma nova classificação para as palmeiras, na qual a família Arecaceae é dividida em nove subfamílias: Coryphoideae (*Copernicia*, *Raphis*), Phoenicoideae (*Phoenix*), Borassoideae (*Latania*), Caryotoideae (*Caryota*), Lepidocaryoideae (*Eugeissona*, *Mauritia*), Arecoideae (*Euterpe*, *Geonoma*), Cocosoidae (*Attalea*, *Bactris*, *Butia*), Phyletephantoideae (*Phyletephas*) e Nypoideae (*Nypa*).

A família *Arecaceae* é a única da ordem *Arecales* (JOLY, 1991). Segundo Uhl e Dransfield (1986), nessa nova classificação há 200 gêneros divididos em seis subfamílias: Coryphoideae com 39 gêneros, Calamoideae com 22 gêneros, Nypoideae com 1 gênero, Ceroxyloideae com 11 gêneros, Arecoideae com 124 gêneros, e Phyletephantideae com 3 gêneros.

O gênero *Euterpe* pertence à subfamília *Arecoideae*, tribo *Areceae*, subtribo *Euterpeinae*, com 28 espécies (UHL; DRANSFIELD, 1988). Ocorre nas Antilhas e na América do Sul tropical, nas mais diversas condições ecológicas, e inclui espécies de valor econômico e ornamental (REITZ, 1974). Vários estudos classificaram o gênero *Euterpe* Gaertn. com outros nomes: *Acrista* Cook, *Catis* Cook, *Plectis* Cook, *Rooseveltia* Cook (ALVES; DEMATTÊ, 1987). São exemplos de espécies nativas do Brasil: *Euterpe edulis* Martius (palmiteiro), encontrada na Mata Atlântica; *E. oleracea* Martius (açai), no estuário do Rio Amazonas; *E. catinga* Wallace (açai-catinga), nas denominadas caatingas do Rio Negro; *E. concinna* Burret (Amazonas); *E. controversa* Barb-Rodr. (Amazonas); *E. espiritosantensis* Fernandes (palmito-amarelo), que ocorre endemicamente no município

de Santa Teresa no Estado do Espírito Santo; *E. jatapuensis* Barb.-Rodr. (Amazonas); *E. longibracteata* Baeb.-Rodr. (Amazonas); *E. petiolata* Burret (Mato Grosso); *E. roraimae* Dammer (Roraima); e *E. precatória* (açai-da-mata), que ocorre no Acre, no Amazonas, no Pará e em Rondônia (ALVES; DEMATTÊ, 1987; HENDERSON, 2000).

A palmeira *Euterpe edulis* é conhecida vulgarmente pelos seguintes nomes: içara, inçara, iuçara, jiçara, ensarova, palmitreiro, ripeira, ripa, juçara, palmito-branco, palmito-vermelho, palmito-doce, palmitreiro-doce, palmito-juçara e acaí-do-sul (REITZ, 1974; REITZ et al., 1978). Os seguintes binômios são sinônimas: *E. equisquiza* Bertoni ex Hauman e *E. globosa* Gaertn (CARVALHO, 1994). *Euterpe* significa musa da música, e *edulis*, em latim, significa comestível, o que é uma alusão ao seu ótimo sabor (REITZ, 1974).

É uma palmeira de tronco (estipe) simples (não esto-lonífero), reto, cilíndrico, comumente com 5 m a 10 m de altura, podendo chegar a até 20 m, com diâmetro à altura do peito entre 5 cm e 15 cm, podendo chegar a 30 cm. O capitel é formado por um tufo de folhas grandes, com 15 a 20 folhas no ápice, cujas bases formam o palmito, caracterizando as variedades de acordo com a tonalidade de cor que apresentam. As folhas são alternas, pinadas, com até 3 m de comprimento. As raízes são visíveis na base do tronco. As flores são amareladas, numerosas, com 3 mm a 6 mm de comprimento, distribuídas em grupo de três, uma feminina entre duas masculinas. A inflorescência é uma espádice de 50 cm a 80 cm de comprimento, composta de várias espigas, inseridas abaixo das folhas. Na antese, a inflorescência está envolta por uma grande bráctea que a protege até o seu desenvolvimento. O fruto é uma drupa esférica composta por um epicarpo pouco espesso, liso, violáceo-escuro, com polpa escassa, encerrando uma semente. A semente é quase esférica, variando de pardo-grisácea a pardo-amarelada, envolta por uma cobertura fibrosa, com até 10 mm de diâmetro (REITZ, 1974; REITZ et al., 1978; CARVALHO, 1994).

Carvalho (1994) cita a existência de três variedades popularmente conhecidas como palmiteiro-branco, palmiteiro-vermelho e palmiteiro-macho ou encapado. Entre as duas primeiras variedades, a principal diferença é a cor da bainha. Com relação ao estipe, no palmito-vermelho ele é mais alto e fino que no palmito-branco. O palmito-macho ou encapado é aquele cujas folhas velhas não se desprendem do estipe quando entram em senescência, impedindo a emissão de inflorescências. No entanto, as três variantes são encontradas comumente nas mesmas populações, não constituindo variedades botânicas ou agrônômicas efetivas.

Biogeografia

Considerando as principais referências sobre a espécie (KLEIN, 1968, 1974; PEDROSA MACEDO, 1973; CARVALHO, 1994; HENDERSON, 2000; REIS et al., 2000c), a área de ocorrência de *E. edulis* se estende desde o sul da Bahia (15°S) até o norte do Rio Grande do Sul (30°S), no litoral, adentrando, no sul, até o leste do Paraguai e norte da Argentina (57°W). Essas e outras informações permitiram a elaboração do mapa de ocorrência no Domínio da Mata Atlântica, apresentado na Fig. 1 (REIS et al., 2000c).

Segundo Reis et al. (2000c), o palmiteiro apresentava sua distribuição por quase toda a área de abrangência do Domínio da Mata Atlântica, assumindo, originalmente, elevados índices de abundância e frequência no estrato médio das formações Ombrófila Densa e na maior parte das formações Estacional Decidual e Estacional Semidecidual. Na formação Ombrófila Mista, tem sua ocorrência restrita às áreas ciliares, não ultrapassando altitudes entre 700 m e 900 m. Essa altitude também é limite nas demais formações florestais do Domínio da Mata Atlântica. Observações adicionais indicam a ocorrência da espécie nas áreas de veredas do Cerrado.

Reis et al. (2000c) chamam atenção para o fato de a espécie apresentar duas grandes áreas de ocorrência disjuntas (Fig. 1). A primeira ocupa, predominantemente, a Floresta Ombrófila Densa, e vem desde o sul da Bahia até a região da Depressão Central no Rio Grande do Sul. A segunda ocupa, predominantemente, as Florestas Estacionais na Bacia do Rio Paraná (Uruguai), e vem desde o Mato Grosso e de Goiás até o norte do Rio Grande do Sul, no Brasil, e adentra no Paraguai e na Província de Misiones na Argentina (não indicado na Fig. 1).

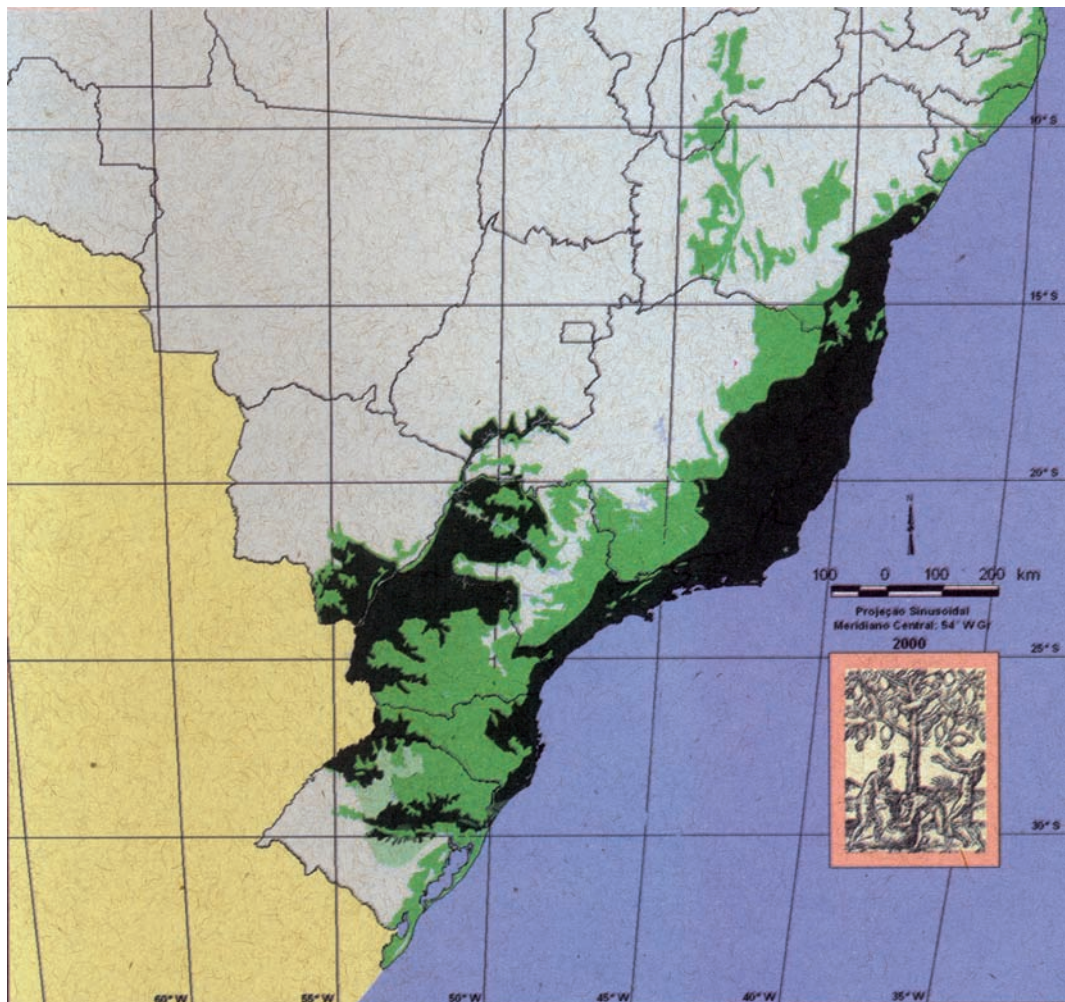


Fig. 1. Área de ocorrência original do palmeiteiro (*Euterpe edulis* Martius) – área escura – e dentro do Bioma Mata Atlântica – área clara – no Brasil.
Fonte: Adaptado de Reis et al. (2000c).

Os mesmos autores (REIS et al., 2000c) levantam algumas hipóteses sobre a manutenção do fluxo gênico entre essas duas grandes áreas:

a) Em decorrência da importância alimentícia da espécie, indígenas que normalmente faziam migrações entre as florestas levaram sementes de *E. edulis* das áreas das Florestas Estacionais Deciduais e Semideciduais para a Floresta Ombrófila Densa, supondo que a espécie tenha se originado de uma radiação adaptativa a partir da Bacia Amazônica, região onde aparecem várias espécies do gênero (HENDERSON, 2000).

b) A distância que separa as duas áreas no ponto de maior proximidade (Serra de Paranapiaçaba, que, a leste, apresenta as nascentes do Rio Ribeira de Iguape e, a oeste, o Rio Paranapanema) não é tão longa, e animais de grande porte, como antas, veados, ou mesmo pássaros maiores, mantinham um processo natural de fluxo gênico entre as duas áreas de ocorrência dessa espécie.

c) Klein (1979–1980) também levanta a hipótese de migração de várias espécies das Florestas Estacionais, e até mesmo da Amazônia e do Cerrado, através da Bacia do Paraná-Uruguai, entrando pela Depressão Central do Rio Grande do Sul e subindo pela Floresta Ombrófila Densa via “Portal de Torres”, no norte do Rio Grande do Sul.

d) Outra possibilidade é a de que, no passado, a espécie ocupasse uma única grande área, com uma grande ligação entre os estados de São Paulo e de Minas Gerais, a qual posteriormente foi interrompida por mudanças climáticas e/ou geológicas.

Biologia reprodutiva

Reis et al. (1993), realizando estudos da biologia reprodutiva do palmitero na Estação Ecológica de Ibicatu (Piracicaba, SP), verificaram que a emissão da

inflorescência se dá após uma média de 12 dias depois da exposição das espatas, e a floração masculina, a qual se inicia com a queda das espatas, dura 15 dias, aproximadamente. Além disso, Mantovani e Morellato (2000), estudando uma população de palmitero numa formação florestal secundária em Santa Catarina, verificaram que: a) a bráctea peduncular (espata) liberou as inflorescências 2 a 4 dias após ter sido exposta pela bainha foliar; b) a floração masculina na inflorescência durou em torno de 5 a 7 dias; c) a floração feminina na inflorescência durou de 4 a 6 dias. Esses dados indicam diferente comportamento entre regiões de ocorrência. Mantovani e Morellato (2000) verificaram que as plantas reprodutivas produziram uma média de 2,3 (variando entre 1 e 5) e de 1,8 (variando entre 1 e 4) inflorescências por planta, nos anos de 1996 e de 1997, respectivamente.

A inflorescência de palmitero, em forma de panícula, é composta por uma raque central, da qual partem ramificações de primeira ordem, chamadas de ráquulas, que sustentam as flores. As flores são unissexuais, dispostas na ráquila, formando um conjunto chamado tríade, no qual se encontra uma flor feminina entre duas masculinas (HENDERSON, 2000; MANTOVANI; MORELLATO, 2000). O número de ráquulas por inflorescência varia de 96 a 175, e o número de flores pistiladas varia de 52 a 162. As estaminadas apresentam-se em mais do que o dobro do número de flores pistiladas (MANTOVANI; MORELLATO, 2000). Tanto a antese masculina como a feminina são diurnas. A masculina oferece, como recurso floral, pólen e néctar, e a feminina, néctar (MANTOVANI; MORELLATO, 2000). A viabilidade do pólen é superior a 90 %, e a floração feminina inicia-se após o término da masculina (protandria).

A partir da fertilização, são necessários 226 dias, em média, para as infrutescências apresentarem frutos maduros (MANTOVANI; MORELLATO, 2000). Esses mesmos autores verificaram que, quanto maior o número de inflorescências emitidas por planta, maior é a probabili-

dade de que ela repita a emissão de pelo menos uma inflorescência no próximo ciclo reprodutivo. Também verificaram uma tendência, em *E. edulis*, de maior porcentagem de infrutescências formadas a partir das primeiras inflorescências emitidas nas plantas que emitem mais que uma inflorescência. Além disso, verificaram que, em 50 % das inflorescências emitidas, infrutescências foram formadas, independentemente do número de inflorescências emitidas por planta. Entretanto, as primeiras inflorescências emitidas apresentaram maior probabilidade de formação de frutos. Dessa forma, a seqüência de emissão interfere diretamente no sucesso da formação das infrutescências.

Com relação à taxa de cruzamento, Reis et al. (2000b), empregando marcadores alozímicos, obtiveram estimativas para sete populações naturais dos estados de São Paulo e de Santa Catarina, as quais variaram de 0,99 a 1,03, respectivamente, com média de 0,99. A taxa de cruzamento obtida por meio de marcadores microssatélites também se aproxima de 1,0 em populações naturais do Cerrado, no Distrito Federal (GAIOTTO et al., 2003), e em Floresta Ombrófila Densa, no Estado de Santa Catarina (CONTE, 2004).

Tais resultados são coerentes com os estudos de biologia reprodutiva e confirmam o caráter alogâmico da espécie.

Diversidade genética

Estudos empregando marcadores alozímicos (REIS, 1996a; REIS et al., 2000d; CONTE et al., 2003; SILVA, 2004) e microssatélites (GAIOTTO et al., 2003) em populações naturais, revelaram que a espécie possui alta variabilidade genética dentro das populações e baixa divergência entre elas, além de uma alta taxa de fecundação cruzada (já mencionada).

Em seus estudos, Reis et al. (2000b), utilizando apenas locos polimórficos, obtiveram 3,1 alelos por loco, endogamia de

0,017 e uma diversidade genética de 0,424 em três populações, em condições de floresta primária, localizadas em Blumenau, SC. Para outras cinco populações localizadas em Sete Barras, SP, também em condições de floresta primária, os autores obtiveram, em média, 3,4 alelos por loco, índice de fixação de -0,071 e uma diversidade genética de 0,463. Cabe destacar que o valor negativo encontrado para o índice de fixação nas populações no Estado de São Paulo evidencia a ocorrência de excesso de heterozigotos. Comparando essas oito populações, Reis et al. (2000b) concluem que a maior parte da diversidade genética da espécie se encontra distribuída dentro das populações (97%). De uma forma geral, a espécie apresenta alta diversidade genética dentro das populações naturais, com níveis de divergência interpopulacionais pouco pronunciados.

Para uma população natural em bom estado de conservação, localizada na Floresta Nacional de Ibirama, SC, Conte (2004), utilizando apenas locos polimórficos, obteve três alelos por loco em média, heterozigosidade esperada de 0,410 e índice de fixação de 0,084. Esses resultados são similares aos obtidos por outros autores, anteriormente citados, porém apresentam maiores níveis de endogamia. Resultados semelhantes foram obtidos por Silva (2004).

Reis et al. (1998) e Conte et al. (2003) verificaram aumento nos níveis de heterozigosidade na passagem da fase de plântula para as classes adultas. Esse comportamento está relacionado à alta taxa de mortalidade encontrada nas primeiras categorias. Esses autores sugerem que o processo de recrutamento para a espécie esteja vinculado a aspectos genéticos, como a seleção de heterozigotos, o que destaca a importância da definição de um grupo mínimo de matrizes, capaz de suprir as necessidades de diversidade genética para o contínuo recrutamento da regeneração natural e para a evolução da espécie. Esse aspecto tem especial relevância para a exploração (manejo) das populações naturais da espécie.

Nesse sentido, as estimativas de tamanho da demografia são especialmente relevantes para a definição do número mínimo de plantas matrizes por área em um

sistema de manejo. Reis (1996a) obteve, a partir das estimativas de divergência genética entre diferentes populações, um tamanho de vizinhança de 67 indivíduos, com cada deme panmítica ocupando uma área de, aproximadamente, 13 mil metros quadrados, ou 60 matrizes por hectare.

Domesticação e manejo

A domesticação das plantas pode ser entendida como um processo coevolutivo, em que, por meio da seleção, alguns tipos mais apropriados para as necessidades ou interesses do homem são favorecidos, com o objetivo de tornar essas populações mais úteis, conforme discute Clement (1999).

Paralelamente à domesticação de uma determinada espécie, o homem produz alterações na paisagem visando torná-la mais produtiva ou conveniente para sua ação. Essa alteração da paisagem, referenciada como domesticação da paisagem, é parte do processo de domesticação como um todo. Dessa forma, a domesticação pode ser entendida como um processo gradativo que vai desde as populações naturais de plantas, em seu ambiente original, até uma monocultura com um único genótipo, passando por várias situações intermediárias ou diferentes intensidades de alterações genéticas e da paisagem (CLEMENT, 1999).

A obtenção de produtos da Mata Atlântica envolve estratégias de extrativismo, manejo e cultivo. Assim, é razoável examinar essas estratégias sob a ótica das alterações provocadas por esses processos na estrutura genética das espécies empregadas, bem como na paisagem.

Nessa ótica, as espécies pioneiras ou secundárias iniciais no processo de sucessão secundária permitem o uso de estratégias de cultivo, plantios homogêneos (monoculturas) ou heterogêneos (policulturas), como alternativas razoáveis para obtenção dos seus produtos (REIS; MARIOT, 1999). No entanto, diversas espécies atualmente em uso são

tipicamente climáticas, o que torna o seu cultivo de forma convencional muito difícil. Dessa forma, o seu manejo dentro do ecossistema, e não o cultivo, passa a ser a alternativa mais razoável para obtenção dos seus produtos (REIS; MARIOT, 1999).

O manejo de populações naturais pode ser entendido como a exploração controlada das populações de uma dada espécie, visando à obtenção de um produto direto (madeira, palmito, flores, frutos) ou indireto (metabólitos secundários a partir das folhas, da casca, ou de outro órgão da planta). Contudo, tal manejo só é sustentável no tempo na medida em que a retirada de um número de indivíduos (ou de partes deles) possa ser reposta pelo próprio dinamismo da espécie a cada ciclo de exploração. Assim, implica o aproveitamento da regeneração natural dela, a partir do desenvolvimento dos indivíduos remanescentes e da contínua reposição de propágulos para manutenção do banco de plântulas ou sementes. Nesse contexto, a manutenção da dinâmica demográfica da espécie é de extrema importância para que as expectativas de rendimento se mantenham a cada ciclo. Dessa forma, os níveis de variabilidade nas plantas reprodutivas remanescentes e, conseqüentemente, a garantia de continuidade do processo microevolutivo serão dados pelas possibilidades de ocorrência de recombinantes nas gerações subseqüentes (REIS, 1996a).

O manejo de populações naturais de forma sustentável tem sido intensamente discutido e avaliado sob a ótica da viabilidade econômica e conservacionista (GODOY; BAWA, 1993; GODOY et al., 1993; REIS, 1996b; SHELDON et al., 1997). Esses autores têm demonstrado a necessidade de estudos básicos, que envolvam biologia reprodutiva, demografia e genética, associados com estudos etnobotânicos e econômicos, para que as tecnologias de manejo de populações naturais possam ser pertinentes às regiões às quais se destinam.

Em relação ao melhoramento, várias pesquisas foram realizadas visando ao monocultivo ou ao cultivo con-

sorciado do palmitero (BOVI et al., 1987 a,b; NODARI et al., 1987, 2000; YAMAZOE et al., 1990; BOVI et al., 1991), incluindo a produção de híbridos com *E. oleracea* (BOVI et al., 1987c, SAWAZAKI et al., 1998), especialmente no Instituto Agrônomo de Campinas. Contudo, outras palmeiras como a pupunha (*Bactris gasipaes* Kunth) e a palmeira real (*Archontophoenix alexandrae* H. Wendl. & Drude) têm se mostrado mais produtivas e mais fáceis de ser manejadas em cultivos puros.

Assim, a proposição de manejo sustentado mencionada anteriormente tem sido a estratégia atual mais efetiva para obtenção do palmito. O manejo prevê a retirada de um número de indivíduos a cada ciclo de corte que possa ser repostado pelo próprio dinamismo da espécie (REIS et al., 2000d). Dessa forma, implica o aproveitamento de sua regeneração natural, a partir do desenvolvimento dos indivíduos remanescentes e da contínua reposição de propágulos para manutenção do banco de plântulas. Logo, depende da permanência de indivíduos reprodutivos nas áreas sob manejo. Ou seja, há necessidade de que um certo número de indivíduos, já em fase reprodutiva, permaneçam para que ocorra a ressemeadura natural.

Nesse contexto, a manutenção da dinâmica demográfica da espécie é de extrema importância, para que as expectativas de rendimento se mantenham a cada ciclo; assim, os níveis de variabilidade nas plantas reprodutivas remanescentes e, conseqüentemente, as possibilidades de recombinantes nas gerações subseqüentes é que darão a garantia de continuidade do processo (REIS et al., 2000b). Dessa forma, a caracterização dos níveis de variabilidade e estruturação genética, bem como o entendimento da dinâmica de movimentação dos alelos nas populações naturais da espécie trarão subsídios para a maximização de estratégias e o monitoramento do processo de exploração em regime de rendimento sustentado para populações naturais (REIS et al., 2000b). Desse modo, as estimativas de tamanho da deme panmítica são

especialmente relevantes para a definição do número mínimo de plantas matrizes por área em um sistema de manejo.

Essa estratégia de manejo da espécie depende também do entendimento da estrutura demográfica de suas populações naturais. De uma maneira geral, a estrutura populacional da espécie mostra-se com uma distribuição em “J” reverso, característica de situações em que há grande número de indivíduos jovens, ou de menores dimensões, além de uma redução na frequência daqueles de maior idade ou de maiores dimensões. A Fig. 2 ilustra esse comportamento para o palmiteiro.



Fig. 2. Pirâmide demográfica de uma população natural de palmiteiro *Euterpe edulis* na região de Blumenau, SC.

Fonte: Adaptado de Reis et al. (1996).

Na Tabela 1, são apresentados dados de distribuição diamétrica de várias populações naturais da espécie. Em todas as situações, fica caracterizada a maior frequência de indivíduos com menor diâmetro à altura do peito (DAP – diâmetro do estipe a 1,3 m), com redução da frequência para os indivíduos maiores. Essa estrutura favorece o processo de exploração fundamentado na regeneração natural da espécie. Assim, a retirada dos indivíduos maiores produz espaço para o crescimento daqueles que estão

nas classes imediatamente inferiores, permitindo, dessa forma, uma exploração cíclica. Essa exploração cíclica será sempre dependente dos indivíduos reprodutivos, que estarão continuamente realimentando o “banco de plântulas”, quantitativa e qualitativamente, como mencionado anteriormente.

Assim, essa forma de exploração, com controle genético e demográfico, caracteriza a espécie como domesticada, ou domesticável, mas no seu ambiente natural, conforme a classificação de Clement (1999).

Os critérios de exploração desse sistema de manejo para as populações naturais de palmito estão incorporados às regulamentações para exploração da espécie antes referidas.

Tabela 1. Estrutura demográfica (frequência de indivíduos por classes de DAP) de populações de palmito avaliadas em diferentes regiões.

Classe de DAP (cm)	População avaliada/ano		
	Blumenau, SC ⁽¹⁾ 1988	Sete Barras, SP ⁽²⁾ 1993	Ibirama, SC ⁽³⁾ 1997
2–4	85	93	60
4–6	169	130	181
6–8	144	73	87
8–10	86	72	59
10–12	53	86	62
12–14	43	51	63
14–16	41	10	58
16–18	13	01	26
19–20	04	00	08
20–22	00	00	02
Total	638	516	606

⁽¹⁾ Fazenda Faxinal – Adaptado de Reis et al. (2000a).

⁽²⁾ Parque Estadual Intervalas (Saibadela) – Adaptado de Ribeiro et al. (1994).

⁽³⁾ Floresta Nacional de Ibirama / Ibama – Adaptado de Conte (1997).

Perspectivas

Os trabalhos desenvolvidos com o palmito demonstram a possibilidade de manejo sustentado de populações naturais da espécie, desde que seguidos critérios que garantam a perpetuação da atividade, como a manutenção

de plantas matrizes visando à manutenção de sua diversidade genética natural. Esse manejo já é realizado em pequenas, médias e grandes propriedades nas regiões Sul e Sudeste do País, com resultados satisfatórios. O manejo de populações naturais do palmito, nos moldes propostos, pode ser considerado um exemplo de domesticação de uma espécie em sua paisagem natural.

Além disso, o plantio de *Euterpe edulis* para a produção de palmito não teve grande sucesso entre os produtores rurais, principalmente por causa das exigências ecológicas da espécie – tais como a necessidade de sombreamento nos estágios iniciais de desenvolvimento e o seu baixo rendimento – comparadas às de outras espécies produtoras de palmito, como a pupunha (*Bactris gasipaes* Kunth) e a palmeira real (*Archontophoenix alexandrae* H. Wendl. & Drude). Essa situação vem acarretando uma perda de espaço e de investimentos no que diz respeito ao cultivo de *Euterpe edulis* em relação a essas outras espécies.

Nos últimos anos, contudo, tem crescido nos estados do Sul e do Sudeste o consumo da “polpa do açaí” proveniente dos frutos de *E. oleracea*, espécie da Região Amazônica. Esse consumo tem sido transferido para *E. edulis*, ainda que existam poucas informações disponíveis sobre suas características e seu rendimento, bem como sobre os impactos da extração desse novo recurso. Como conseqüência, grande número de produtores rurais no Sul, e de extrativistas no Sudeste, tem passado a explorar os frutos, reduzindo a pressão sobre as plantas adultas. O crescimento dessa nova atividade traz consigo a necessidade de sistematização e de geração de novos conhecimentos sobre a espécie em seu ambiente.

Referências

ALVES, M. R. P.; DEMATTÊ, M. E. S. P. **Palmeiras**: características botânicas e evolução. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 129 p.

BOVI, M. L. A.; GODOY JÚNIOR, G.; SAES, L. A. Correlações fenotípicas entre caracteres da palmeira *Euterpe edulis* Mart. e produção de palmito. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 1, p. 105-121, 1991.

BOVI, M. L. A.; GODOY JÚNIOR, G.; SÁES, L. A. Pesquisas com os gêneros *Euterpe* e *Bactris* no Instituto Agronômico de Campinas. In: ENCONTRO NACIONAL DE PESQUISADORES EM PALMITO, 1. 1987, Curitiba. **Anais...** Curitiba: EMBRAPA-CNPq, 1987a. p. 1-43.

BOVI, M. L. A.; SÁES, L. A.; CARDOSO, M.; CIONE, J. Densidade de plantio de palmito em regime de sombreamento permanente. **Bragantia**, Campinas, v. 46, n. 2, p. 329-341, 1987b.

BOVI, M. L. A.; SÁES, L. A.; CARDOSO, M.; CIONE, J. Híbridos interespecíficos de palmito (*Euterpe oleracea* X *Euterpe edulis*). **Bragantia**, Campinas, v. 46, n. 2, p. 343-363, 1987c.

CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso de madeira.** Brasília: EMBRAPA-SPI, 1994. 640 p.

CERVI, C. E. **O mercado de palmito.** São Paulo: Conselho Britânico. 1996, 34 f.

CLEMENT, C. R. 1492 and the loss of Amazonian crop genetic resources. I The relation between domestication and human population decline. **Economic Botany**, Honolulu, v. 53, n. 2, p. 188-202, 1999.

CONTE, R. **Estrutura genética de populações de *Euterpe edulis* Mart. submetidas à ação antrópica utilizando marcadores alozímicos e microssatélites.** 2004. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Vegetal) – ESALQ, USP, Piracicaba.

CONTE, R. **Manejo do palmito (*Euterpe edulis* Martius) no Estado de Santa Catarina.** 1997. Monografia (Graduação em Agronomia): UFSC, Florianópolis.

CONTE, R.; NODARI, R. O.; VENCOVSKY, R.; REIS, M. S. dos. Genetic diversity and recruitment of the tropical palm, *Euterpe edulis* Mart., in a natural population from the Brazilian Atlantic Forest. **Heredity**, London, v. 91, n. 4, p. 401-406, 2003.

DEAN, W. **A ferro e fogo: a história e a devastação da mata atlântica brasileira.** São Paulo: Companhia das Letras, 1996. 484 p.

DETONI JUNIOR, C. Otimização do aproveitamento do palmito. In: ENCONTRO NACIONAL DE PESQUISADORES EM PALMITO, 1., 1987, Curitiba, **Anais...** Curitiba: EMBRAPA-CNPq, 1987. p. 173-174.

DI STASI, L. C.; MARIOT, A.; REIS, M. S. Outras monocotiledôneas medicinais na Mata Atlântica. In: DI STASI, L. C.; HIRUMA-LIMA, C. A. **Plantas medicinais na Amazônia e na Mata Atlântica.** 2. ed. São Paulo: Ed. UNESP, 2002. p. 79-83.

FANTINI, A. C.; GURIES, R.; RIBEIRO, R. J. Produção de palmito (*Euterpe edulis* Martius – Arecaceae) na Floresta Ombrófila Densa: potencial, problemas e possíveis soluções. **Sellowia**, Itajaí, n. 49-52, p. 256-280, 2000.

GAJOTTO, F. A.; GRATTAPAGLIA, D.; VENCOVSKY, R. Genetic structure, mating system, and long-distance gene flow in heart of palm (*Euterpe edulis* Mart.). **Journal of Heredity**, Oxford, v. 94, n. 5, p. 399-406, 2003.

GALETTI, M.; CHIVERS, D. J. Palm harvest threatens Brazil's best protected area of Atlantic Forest. **Oryx**, Cambridge, v. 29, p. 225-226, 1995.

GODOY, R. A.; BAWA, K. S. The economic value and sustainable harvest of plants and animals from the tropical forest: assumptions, hypotheses, and methods. **Economic Botany**, Honolulu, v. 47, n. 3, p. 215-219, 1993.

GODOY, R. A.; LUBOWSKI, R.; MARKANDAYA, A. A method for the economic valuation of non-timber tropical forest products. **Economic Botany**, Honolulu, v. 47, n. 3, p. 220-233, 1993.

HENDERSON, A.; GALEANO, G.; BERNAL, R. **Field guide to the palms of the Americas.** Princeton: Princeton University Press, 1995. 352 p.

- HENDERSON, A. The genus *Euterpe* in Brazil. **Sellowia**, Itajaí, v. 49-52, p. 1-22, 2000.
- KAGEYAMA, P. Y.; GANDARA, F. B. Dinâmica de populações de espécies arbóreas: implicações para o manejo e a conservação. In: SIMPÓSIO DE ECOSSISTEMAS DA COSTA BRASILEIRA, 3., 1993, Serra Negra, **Anais...** Serra Negra: SBS, 1994. p. 115-125.
- KLEIN, R. M. *Euterpe edulis* Martius – observações ecológicas. In: REITZ, R. **Palmeiras**. (Flora Ilustrada Catarinense – PALM). Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues, 1974. p. 102-105.
- KLEIN, R. M. Flora e vegetação do Vale do Itajaí. **Sellowia**, Itajaí, n. 31-32, p. 1-389, 1979-1980.
- KLEIN, R. M. Necessidade da pesquisa das florestas nativas para exploração racional e manejo eficiente das mesmas. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 1968, Curitiba. **Anais...** Curitiba: Associação Paranaense de Engenheiros Florestais, 1968. p. 125-128.
- JOLY, A. B. **Botânica**: introdução à taxonomia vegetal. 10. ed. São Paulo: Ed. Nacional, 1991. 777 p.
- MANTOVANI, A.; MORELLATO, L. P. C. Fenologia da floração, frutificação, mudança foliar e aspectos da biologia floral do palmito. **Sellowia**, Itajaí, n. 49-52, p. 23-38, 2000.
- MARTIUS, C. F. P. von. **Historia naturalis palmarum**. Leipzig: T. O. Weigel, 1823-1850.
- NODARI, R. O.; FANTINI, A. C.; REIS, A.; REIS, M. S. Restauração de populações de *Euterpe edulis* Martius (Arecaceae) na Mata Atlântica. **Sellowia**, Itajaí, n. 49-52, p. 189-201, 2000.
- NODARI, R. O.; GUERRA, M. P. O palmito no Sul do Brasil: situação e perspectivas. **Useful palms of Tropical America**, Newsletter, Brasília, v. 2, p. 9-10, 1986.
- NODARI, R. O.; GUERRA, M. P.; REIS, A.; REIS, M. S.; MERIZIO, D. Eficiência de sistemas de implantação do palmito em mata secundária. In: ENCONTRO NACIONAL DE PESQUISADORES EM PALMITO. 1., 1987, Curitiba. **Anais...** Curitiba: EMBRAPA-CNPQ, 1987. p. 165-171.
- ODORIZZI, J.; RIBEIRO, R. J. **Relatório do levantamento da população natural do projeto de enriquecimento florestal através do repovoamento de palmito *Euterpe edulis* Mart. nas comunidades quilombolas do Vale do Ribeira**. Registro, SP: Mitra Diocesana de Registro, 1998. 15 f.
- PEDROSA-MACEDO, J. H. Palmito: uma grande fonte de divisas. III. **Florestas**, Curitiba, v. 4, n. 3, p. 57-59, 1973.
- PEREIRA, L. B. A economicidade do palmito (*Euterpe edulis* Martius) sob manejo em regime de rendimento sustentado. **Sellowia**, Itajaí, v. 49-52, p. 225-244, 2000.
- REIS, A.; KAGEYAMA, P.; REIS, M. S.; FANTINI, A. C. Demografia de *Euterpe edulis* Martius (Arecaceae) em uma Floresta Ombrófila Densa Montana, em Blumenau (SC). **Sellowia**, Itajaí, n. 45/48, p. 13-45, 1996.
- REIS, A.; KAGEYAMA, P. Y. Dispersão de sementes de palmito (*Euterpe edulis* Martius – Palmae). **Sellowia**, Itajaí, n. 49-52, p. 60-92, 2000.
- REIS, M. S.; CONTE, R.; NODARI, R. O.; FANTINI, A. C.; REIS, A.; MANTOVANI, A.; MARIOT, A. Manejo sustentável do palmito. **Sellowia**, Itajaí, n. 49-52, p. 202-224, 2000a.
- REIS, M. S. Dinâmica da movimentação dos alelos: subsídios para o manejo e conservação de populações naturais em plantas. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 19, n. 4, p. 37-47, 1996a.
- REIS, M. S. dos; GUIMARÃES, E.; OLIVEIRA, G. P. Estudos preliminares da biologia reprodutiva do palmito (*Euterpe edulis*) em mata residual do Estado de São Paulo. In: CONGRESSO FLORESTAL PANAMERICANO, 1.; CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO. 7., 1993, Curitiba. **Floresta para o desenvolvimento: política, ambiente, tecnologia e mercado: anais**. São Paulo: SBS; [S.l.]: SBEF, 1993. v. 1. p. 358-360.

- REIS, M. S. dos ; GUERRA, M. P.; NODARI, R. O. Management of natural populations and maintenance of genetic diversity. In: WORKSHOP ON "RECENT ADVANCES IN BIOTECHNOLOGY FOR TREE CONSERVATION AND MANAGEMENT", 1998 Florianópolis, **Anais...** Florianópolis: IFS, 1998, p. 145-156.
- REIS, M. S.; GUERRA, M. P.; NODARI, R. O.; REIS, A.; RIBEIRO, R. J. Distribuição geográfica e situação atual das populações na área de ocorrência de *Euterpe edulis* Martius. **Sellowia**, Itajaí, n. 49-52, p. 324-335, 2000c.
- REIS, M. S.; FANTINI, A. C.; NODARI, R. O.; REIS, A.; GUERRA, M. P.; MANTOVANI, A. Management and conservation of natural populations in Atlantic Rain Forest: the case study of palm heart (*Euterpe edulis* Martius). **Biotropica**, Lawrence, v. 32, n. 4b, p. 894-902, 2000d.
- REIS, M. S.; KAGEYAMA, P. Y.; GUIMARÃES, E.; NODARI, R. O.; FANTINI, A. C.; MANTOVANI, A.; VENCOVSKI, R. Variação genética em populações naturais de *Euterpe edulis* Martius na Floresta Ombrófila Densa. **Sellowia**, Itajaí, n. 49-52, p. 131-149, 2000b.
- REIS, M. S. Manejo sustentado de plantas medicinais em ecossistemas tropicais. In: DI STASI, L. C. et al. **Plantas medicinais: arte e ciência – um guia de estudo interdisciplinar**. São Paulo: UNESP, 1996b. p. 199-210.
- REIS, M. S.; MARIOT, A. Diversidade natural e aspectos agrônômicos de plantas medicinais. In: SIMÕES, C. M. O. et al. **Farmacognosia: da planta ao medicamento**. Porto Alegre: Ed. UFRGS; Florianópolis: Ed. UFSC, 1999. p. 39-60.
- REIS, M. S.; REIS, A. (Ed.). ***Euterpe edulis* Martius (palmiteiro): biologia, conservação e manejo**. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues, 2000. 335 p.
- REITZ, R.; KLEIN, R. M.; REIS, A. **Projeto madeira de Santa Catarina**. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues, 1978. 320 p.
- REITZ, R. **Palmeiras**. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues, 1974. 189 p. (Flora Ilustrada Catarinense).
- RIBEIRO, J. J.; PORTILHO, W. G.; REIS, A.; FANTINI, A. C.; REIS, M. S. O manejo sustentado do palmiteiro no Vale do Ribeira. **Florestar Estatístico**, São Paulo, v. 1, n. 3, p. 15-16, 1994.
- RIBEIRO, R. J.; ODORIZZI, J. Um caso de manejo em regime de rendimento sustentado do palmiteiro na Fazenda Nova Trieste Eldorado, SP. **Sellowia**, Itajaí, n. 49-52, p. 245-255, 2000.
- SAWAZAKI, H. E.; BOVI, M. L. A.; SODEK, L.; COLOMBO, C. A. Diversidade genética em palmeiras através de isoenzimas e RAPD. **Revista Brasileira de Biologia**, São Carlos, v. 58, n. 4, p. 681-691, 1998.
- SHELDON, J. W.; BALICK, M. J.; LAIRD, S. A. **Medicinal plants: can utilization and conservation coexist?** Honolulu: NYBG, 1997. 104 p. (Advances in Economic Botany, 12).
- SILVA, J. Z. **Efeito de diferentes intensidades de manejo simuladas sobre a diversidade genética de uma população natural de palmiteiro (*Euterpe edulis* Martius)**. 2004. 90 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) – UFSC, Florianópolis.
- UHL, N. W.; DRANSFIELD, J. Genera Palmarum, a new classification of palms and its implications. In: THE PALM-TREE of life: biology, utilization, and conservation. New York: The New York Botanical Garden, 1988. p. 1-19, (Advances in Economic Botany, 6).
- YAMAZOE, G.; DIAS, A. C.; NETTO, B. V. M. Comportamento de *Euterpe edulis* Mart. sob *Pinus pinaster* Aiton em diferentes intensidades de desbaste. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO. 6., 1990, Campos do Jordão. **Florestas e meio ambiente: conservação e produção, patrimônio social: anais...** Campos do Jordão: Sociedade Brasileira de Silvicultura: Sociedade Brasileira de Engenheiros Florestais, 1990. v. 3. p. 610-613.



P essegueiro

Tradição e poesia

Foto: Rosa Lía Barbieri



Pessegueiro

Maria do Carmo Bassols Raseira
David Hawkins Byrne
Rodrigo Cezar Franzon

O pessegueiro, que até pouco tempo era encontrado entre os paralelos 30° e 45° de latitude N e S, hoje é cultivado nos climas subtropicais do globo – abaixo dos paralelos 30°N e S – e, em alguns casos, abaixo até de 20°, como é o caso de certas áreas da Austrália e da Tailândia. Isso foi possível graças aos programas de melhoramento genético desenvolvidos nessas regiões, tais como os programas da Austrália, do Brasil, da África do Sul, do sul dos Estados Unidos (como no sul do Texas), da Tailândia e de Taiwan. Existe no mundo 1,7 milhão de hectares plantados com essa espécie, os quais representam uma produção de, aproximadamente, 12 milhões de toneladas, 30 % das quais são produzidas pela China (SOTO, 2005).

No Brasil, o pêssego e as frutas de caroço em geral mostraram uma notável expansão tanto da produção quanto do consumo. Segundo dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), a produção brasileira em 2004 foi superior a 235 mil toneladas, em uma área colhida

de 23.864 ha (PÊSSEGO..., 2007). O consumo per capita médio anual no País é de cerca de 1 kg, considerando-se pêssego industrializado e frutas para mesa.

O cultivo de pêssegos para mesa tem uma produtividade média de 10 ton.ha⁻¹ a 15 ton.ha⁻¹ (ZANETTE; BIASI, 2004). No Rio Grande do Sul, as cultivares dos tipos indústria e dupla finalidade podem produzir de 20 ton.ha⁻¹ a 30 ton.ha⁻¹. É, portanto, uma ótima opção, não só para pequenas propriedades, mas também para produtores empresariais. Do ponto de vista social, é uma cultura importante, uma vez que só nos estados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina mais de 4 mil famílias têm no pêssego a sua fonte de renda.

Classificação botânica e evolução

O pessegueiro pertence à família Rosaceae, subfamília Prunoideae, gênero *Prunus* L., subgênero *Amygdalus*, seção *Euamygdalus*. O gênero *Prunus* compreende os subgêneros *Prunophora*, *Amygdalus*, *Cerasus*, *Padus* e *Laurocerasus*. De acordo com Watkins (1995), Rehder, em 1940, classificou o gênero *Prunus* em 77 espécies. Entretanto, o número reconhecido hoje é bem maior (MOORE; BALLINGTON

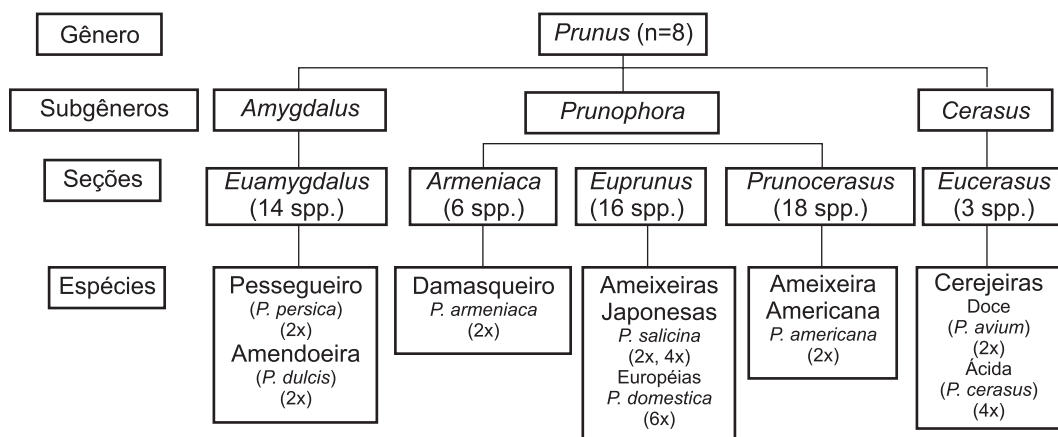


Fig. 1. Principais subgêneros, seções e espécies cultivadas do gênero *Prunus*.
Fonte: Watkins (1995).

JUNIOR, 1990). A Fig. 1 apresenta os principais subgêneros, seções e espécies cultivadas do gênero *Prunus*.

As cultivares comercialmente plantadas pertencem à espécie *P. persica* (L.) Batsch. Outras espécies de pessegueiro são: *P. davidiana* (Carr.) Franch., *P. ferganensis* (Kost & Rjab) Kov. & Kost., *P. kansuensis* Rehd. e *P. mira* Koehne. Todas são nativas da China. *P. mira* estende-se entre Nepal e Índia, e *P. ferganensis* é encontrada nos países das antigas Repúblicas Soviéticas. Entretanto, não é totalmente conhecida a variabilidade por causa da adaptação a diferentes condições geográficas e de hibridações interespecíficas (SCORZA; SHERMAN, 1996), mas essas espécies são potencialmente interessantes como porta-enxertos.

P. persica compreende três variedades botânicas: *vulgaris*, classificação do pêsego comumente conhecido; *nucipersica*, que compreende as nectarineiras; e *platicarpa*, na qual estão os pêsegos chatos, também conhecidos na China como *peentoos* ou *pentao*.

Tabela 1. Subgêneros e seções mais freqüentemente envolvidas em hibridações interespecíficas com espécies do gênero *Prunus*.

Espécie cultivada	Hibridação interespecífica	
	Maior importância	Menor importância
Ameixeira européia (<i>P. domestica</i>)	<i>Prunophora</i> <i>Euprunus</i> <i>Prunocerasus</i> <i>Armeniaca</i>	<i>Cerasus</i> <i>Microcerasus</i> <i>Amygdalus</i> <i>Euamygdalus</i>
Ameixeira Damson (<i>P. insititia</i>)	<i>Prunophora</i> <i>Euprunus</i>	
Cerejeira (<i>P. cerasifera</i>) e Ameixeira japonesa (<i>P. salicina</i>)	<i>Prunophora</i> <i>Euprunus</i> <i>Prunocerasus</i> <i>Armeniaca</i>	<i>Cerasus</i> <i>Microcerasus</i> <i>Amygdalus</i> <i>Euamygdalus</i>
Ameixeira americana (<i>P. americana</i>)	<i>Prunophora</i> <i>Euprunus</i> <i>Armeniaca</i>	<i>Cerasus</i> <i>Microcerasus</i> <i>Amygdalus</i>
Damasco (<i>P. armeniaca</i>)	<i>Prunophora</i> <i>Euprunus</i> <i>Prunocerasus</i> <i>Armeniaca</i>	<i>Cerasus</i> <i>Microcerasus</i> <i>Amygdalus</i> <i>Euamygdalus</i>

Continua...

Tabela 1. Continuação.

Espécie cultivada	Hibridação interespecífica	
	Maior importância	Menor importância
Pessegueiro (<i>P. persica</i>)	<i>Amygdalus</i> <i>Euamygdalus</i> <i>Chamaeamygdalus</i> <i>Prunophora</i> <i>Euprunus</i>	<i>Cerasus</i> <i>Microcerasus</i> <i>Prunophora</i> <i>Prunocerasus</i> <i>Armeniaca</i>
Amendoeira (<i>P. dulcis</i>)	<i>Amygdalus</i> <i>Euamygdalus</i> <i>Chamaeamygdalus</i>	<i>Prunophora</i> <i>Euprunus</i> <i>Armeniaca</i>
Cerejeira doce (<i>P. avium</i>) e Cerejeira ácida (<i>P. ceerasus</i>)	<i>Cerasus</i> <i>Microcerasus</i> <i>Pseudocerasus</i> <i>Eucerasus</i>	<i>Cerasus</i> <i>Lobopetalum</i> <i>Mahaleb</i> <i>Padus</i>

Fonte: Watkins (1995).

As hibridações mais freqüentes realizadas dentro do gênero *Prunus* são apresentadas por Watkins (1995) – Tabela 1 –, depois de consultar e de compilar resultados de diversos autores.

Os ancestrais, tanto do pessegueiro quanto da amendoeira, surgiram provavelmente separados, na Ásia Central. O pêsego evoluiu no leste da Ásia Ocidental e a amendoeira evoluiu e moveu-se mais a oeste, mantendo-se, no entanto, também no centro da Ásia (WATKINS, 1995).

A transferência entre os grupos *Amygdalus*–*Prunophora* e o da cerejeira raramente é direta, e é realizada, em geral, via seção *Microcerasus* (subgênero *Cerasus*). *Amygdalus* parece ser mais próxima de *Microcerasus* do que o grupo da *Prunophora*. Por sua vez, o pessegueiro parece ser mais próximo do centro genético de *Prunus* e, assim, mais próximo da ponte de *Microcerasus* para o grupo das cerejeiras, do que a amendoeira. A Fig. 2, extraída de Watkins (1995), mostra a evolução das formas cultivadas de *Prunus*.

Scorza e Okie (1991), compilando informações de diversos autores, elaboraram um quadro das espécies proximamente relacionadas com o pessegueiro, especificando aquelas que produzem híbridos, na maioria férteis ou na maioria estéreis (Tabela 2).

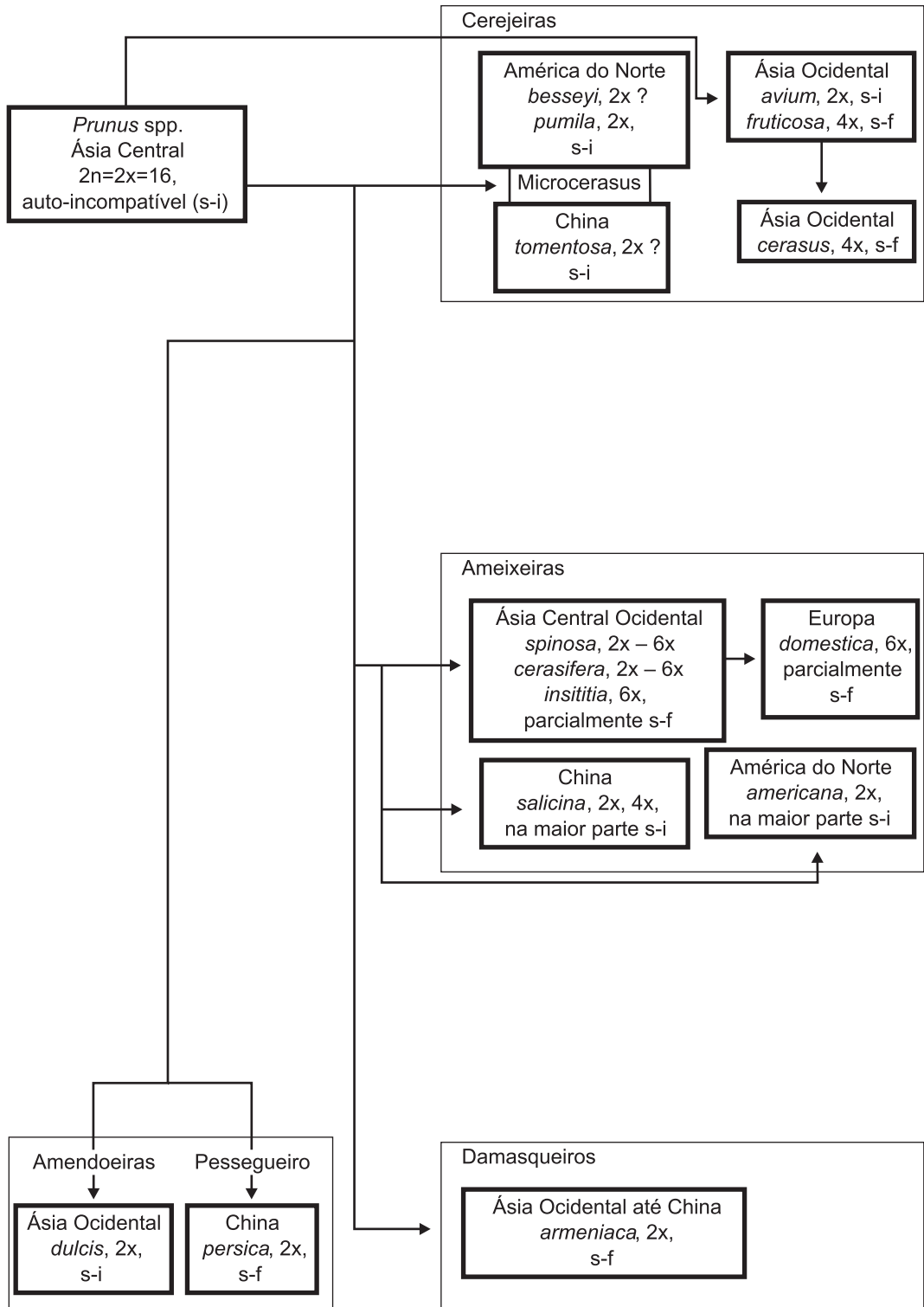


Fig. 2. Evolução das formas cultivadas de *Prunus* (s-i = auto-incompatível; s-f = autofértil).
Fonte: Watkins (1995).

Tabela 2. Espécies de *Prunus* relatadas em hibridações com pêsego e espécies de pêsego.

Espécies	Hibridiza com ⁽¹⁾	Origem
A) Híbridos na maioria férteis ⁽²⁾		
<i>P. amygdalus</i> Batsch	D, M, P	Ásia (sudeste)
<i>P. davidiana</i> (Carr.) Franch.	K, P	China (norte)
<i>P. ferganensis</i> (Kost. & Rjab) Kov. & Kost.	P	China (nordeste), URSS (sul)
<i>P. kansuensis</i> Rehd.	D, P	China (noroeste)
<i>P. mira</i> Koehne	P	China (oeste), Himalaia
<i>P. persica</i> (L.) Batsch	D, F, K, M	China
B) Híbridos na maioria estéreis ⁽³⁾		
<i>P. americana</i> Marsh.	P	EUA
<i>P. armeniaca</i> L.	D, P	Ásia
<i>P. besseyi</i> Bailey	D, P	EUA (norte), Canadá
<i>P. brigantina</i> Vill.	P	França
<i>P. cerasifera</i> Ehrh.	D, P	Ásia (oeste)
<i>P. cerasus</i> L.	P	Ásia (oeste), Europa (sudeste)
<i>P. domestica</i> L.	P	Ásia (oeste), Europa
<i>P. hortulana</i> Barley	P	Centro dos EUA
<i>P. japonica</i> Thunb.	P	China
<i>P. munsoniana</i> Wight & Hedr.	P	Centro dos EUA
<i>P. nigra</i> Ait.	P	EUA (norte), Canadá
<i>P. pumila</i> L.	P	EUA (norte)
<i>P. salicina</i> Lindl.	F, P	China
<i>P. simonii</i> Carr.	P	China (norte)
<i>P. spinosa</i> L.	P	Europa, África (norte), Ásia (oeste)
<i>P. tenella</i> (=nana) Batsch	D, P	Europa (sudeste), Ásia (oeste)
<i>P. tomentosa</i> Thunb.	P	China (norte e oeste), Japão
<i>P. virginiana</i> L.	P	EUA (norte), Canadá

⁽¹⁾ Código para espécies de pêsego usadas como parentais: D = *davidiana*; F = *ferganensis*; K = *kansuensis*; M = *mira*; e P = *persica*.

⁽²⁾ A = altamente relacionadas com pêsego, que produzem híbridos férteis.

⁽³⁾ B = pouco relacionadas com pêsego, que produzem híbridos estéreis.

Fonte: Scorza e Okie (1991).

Citogenética

O pessegueiro é uma espécie diplóide ($2x=2n=16$). O clássico estudo do cariótipo do pessegueiro foi realizado por Jelenkovic e Harrington (1972), os quais observaram a configuração dos cromossomos em três clones, no estágio de paquíteno. Além de avaliar o comprimento, os autores se referiram também à heterocromatina e ao tamanho, ao número e à posição dos centrômeros em relação aos braços. Os cromossomos 6 e 7 seriam os organizadores do nucléolo, que é visível na prófase (Fig. 3). A Tabela 3 mostra o comprimento total e a proporção entre os braços dos cromossomos encontrados por Jelenkovic e Harrington (1972).

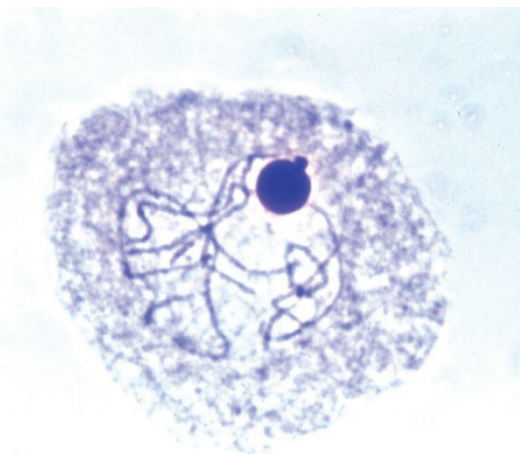


Fig. 3. Célula de pessegueiro, em estágio de paquíteno, que mostra o nucléolo e os cromossomos.

Tabela 3. Comprimento total e relação do comprimento dos braços para os oito cromossomos de *P. persica*.

Cromossomo	Nº de cromossomos medidos	Comprimento total (μ)	Relação do comprimento dos braços	Genótipo
1	21	65,5 \pm 1,59	2,0 \pm 0,48	Raritan Rose
2	24	45,7 \pm 1,39	1,0 \pm 0,47	Raritan Rose
3	11	41,7 \pm 1,45	2,2 \pm 0,63	Raritan Rose & Stock 4-2
4	24	38,4 \pm 1,23	1,3 \pm 0,17	Raritan Rose
5	19	36,1 \pm 0,88	2,7 \pm 0,68	Raritan Rose & Stock 4-2
6	35	34,9 \pm 1,10	5,4 \pm 1,25	Raritan Rose & Stock 4-2
7	35	33,3 \pm 1,11	6,0 \pm 1,58	Raritan Rose & Stock 4-2
8	28	31,2 \pm 0,86	2,7 \pm 0,74	Stock 4-2

Fonte: Jelenkovic e Harrington (1972).

Origem e história

Por muito tempo acreditou-se que o pessegueiro seria originário da Pérsia, atual Irã. Hedrick (1917) faz diversas considerações a fim de esclarecer que o centro de sua origem não é a Pérsia. Em suas considerações, o autor cita, por exemplo, De Candolle (1885), que dizia que se o pessegueiro fosse nativo da Pérsia, e lá tivesse existido desde o princípio, produzindo uma fruta tão bonita e deliciosa, ele teria sido levado antes à Ásia Menor e à Grécia. Os hebreus não falaram tanto sobre pessegueiros como sobre oliveiras, marmeleiros, videiras ou romã, e muitos deles vinham dos vales do Rio Eufrates e tinham contato próximo com a Pérsia.

Hedrick (1917) cita também Frank N. Meyer, um explorador e encarregado da introdução de plantas, no United States Department of Agricultural (USDA), que, no início do século 20, viajou pela China e, ao enviar sementes, remetia com elas uma descrição explicativa. Suas descrições indicaram que todas as discretas variações em pessegueiros, conhecidas hoje, existiam, então, em estado silvestre ou em jardins, exceto pela folha vermelha (SCORZA; SHERMAN, 1996). De acordo com informação pessoal da pesquisadora chinesa Wang Lirong, também as variações com folhas vermelhas são nativas da China. Um dos princípios de Vavilov é que as espécies silvestres mostram a sua maior variabilidade no centro de origem ou muito perto dele. Assim, a grande diversidade encontrada na China é um dos argumentos para aceitá-la como local de origem do pessegueiro.

A história do pessegueiro segue passo a passo a história da agricultura. E, se o seu início está perdido na obscuridade da Antigüidade, não se pode saber também, com certeza, há quantos anos o pessegueiro é cultivado. Segundo Wang (1985), o cultivo dessa espécie data de, pelo menos, 4 mil anos.

Pesquisa na literatura chinesa mostra que o pêssego era citado centenas de anos antes da Era Cristã. Poemas de Confúcio (551–478 a.C.) mencionavam essa espécie frutífera e algumas outras. É interessante notar que os chineses atribuíam poderes miraculosos ao pêssego. Acreditavam, por exemplo, que a fruta afastava os maus espíritos ou estava relacionada à imortalidade (HEDRICK, 1917). Dr. Yamei Kin, também citado por Hedrick (1917), conta sobre alguns preconceitos existentes na China antiga, explicando que, assim como a violeta era considerada símbolo da modéstia e do recato, a flor do pessegueiro representava o oposto. Por essa razão, não era aconselhável plantar um pessegueiro próximo à janela do quarto de uma moça respeitável.

O pessegueiro veio para o Mediterrâneo através da Pérsia. Aparentemente, a espécie foi introduzida na cultura grega de 400 a 300 anos a.C. e, na romana, no primeiro século d.C.

(HEDRICK, 1917). Segundo esse mesmo autor, entre os gregos, Theophrastus, em 322 a.C., referia-se ao pêssego como uma fruta da Pérsia. O autor também cita que Vergil, príncipe dos poetas latinos (79–19 a.C.), fez provavelmente a primeira referência a essa fruta na literatura romana, e que Plínio, em 79 d.C., dizia que o pêssego tinha sido importado pelos romanos, da Pérsia, pouco antes daquela data. Segundo esse mesmo pesquisador, havia na época seis variedades de pêssego. À primeira, ele se referia como 'Persian apple'; à segunda como 'Duracimus', na qual estariam os melhores frutos; à terceira e à quarta como 'Gallic' e 'Asiatic', distinguidas pelos nomes dos países de origem. As últimas duas variedades de Plínio são a 'Supernatia', que veio da região dos sabinos, e a 'Popularia', que crescia em qualquer lugar (HEDRICK, 1917).

Embora os mouros tenham possivelmente introduzido essa espécie no norte da África e na Espanha, sua disseminação pelos países mediterrâneos deveu-se, principalmente, aos romanos (SCORZA; SHERMAN, 1996). O pessegueiro foi introduzido na América continental pelos conquistadores espanhóis do México e, na Flórida, em 1565, com a Fundação St. Augustine. Os portugueses provavelmente introduziram a espécie na costa leste da América do Sul (SCORZA; SHERMAN, 1996). *Landraces* de pessegueiros desenvolveram-se por toda a América do Norte e do Sul. Exemplos incluem os pessegueiros mexicanos, conhecidos como *evergreen*, que necessitam de pouco ou de nenhum frio hibernal (ACOSTA; BARRIOS, 1987 citado por SCORZA; OKIE, 1991), ou aqueles cultivados pelos índios navajos em áreas remotas do Arizona (JETT, 1979 citado por SCORZA; OKIE, 1991).

Na Fig. 4, são apresentadas as rotas de dispersão do pessegueiro a partir do seu centro de diversidade, a China, assim como os ciclos de dispersão ao longo da história, os quais mostram que, nos tempos mais recentes, cultivares melhoradas em outros países vêm sendo introduzidas na Ásia.

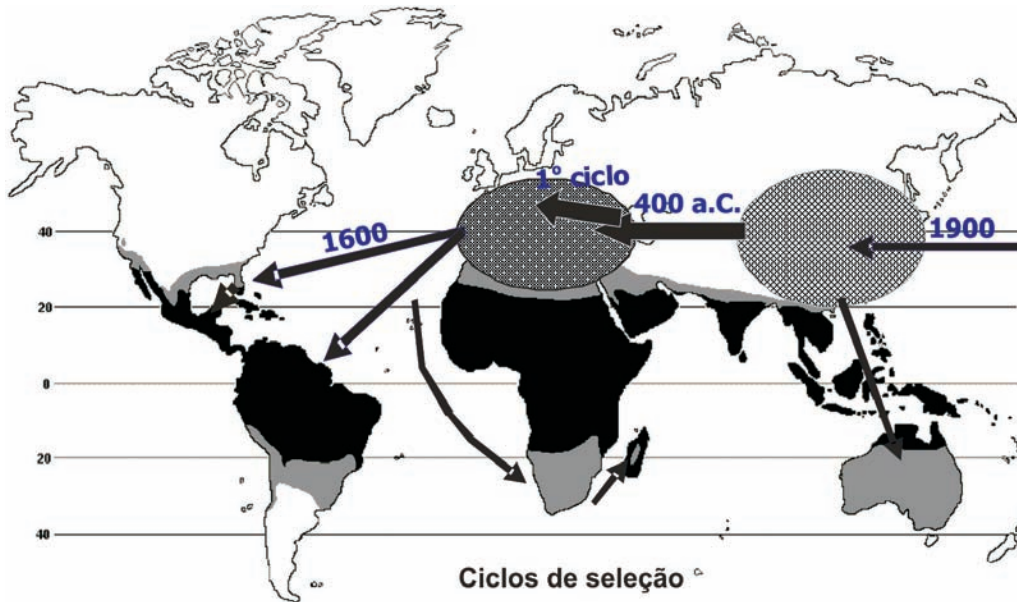


Fig. 4. Rotas e ciclos de dispersão do pessegueiro a partir do centro de diversidade na China.
 Fonte: Byrne et al. (2000)

O pessegueiro no Brasil

No Brasil, o pessegueiro foi introduzido em 1532 por Martim Afonso de Souza, por meio de mudas trazidas da Ilha da Madeira e plantadas na Capitania de São Vicente, que corresponde ao atual Estado de São Paulo, o qual é hoje o segundo maior produtor do Brasil, precedido apenas pelo Rio Grande do Sul. Entretanto, foi neste último estado que o plantio de pessegueiros, principalmente para fins industriais, mais se desenvolveu no País.

Embora o maior impulso da indústria de processamento de pêsego tenha ocorrido a partir da década de 1960, ela é uma atividade muito antiga no Estado do Rio Grande do Sul. Segundo pesquisas de Grandó (1990), foi o imigrante francês Amadeo Gustavo Gastal quem introduziu a indústria de conservas de frutas e legumes em Pelotas, em seu estabelecimento chamado Bruyères, onde também eram elaborados vinhos. Gastal foi à França em 1867, em busca de informações sobre o cultivo de frutas e para adquirir os conhecimentos técnicos necessários para

beneficiá-las industrialmente. Importou da França todo o equipamento necessário e, no ano de 1878, fabricou as primeiras compotas de pêssegos.

A primeira fábrica de conservas de pêssego em calda no estado foi a Quinta Pastorello, instalada, em 1900, na Colônia Santo Antônio (GRANDO, 1990). As indústrias foram aumentando em capacidade de industrialização e, apesar de todas as crises econômicas, o Rio Grande do Sul ainda é responsável por mais de 80 % da produção nacional de compota de pêssego.

Os primeiros pomares a serem explorados comercialmente situavam-se junto a duas vitivinícolas da região de Pelotas, RS. O primeiro pomar instalado pertencia a Amadeo G. Gastal. Mais tarde, Ambrósio Perret instalou o seu, juntamente com um viveiro de mudas. Perret foi um pioneiro, uma vez que introduziu e testou diversas cultivares oriundas da Europa, dos Estados Unidos, do Japão e da Austrália. Seu estabelecimento comercializava sementes e enxertos, exportando-os até mesmo para os países vizinhos (AMBROSIO PERRET & CIA. LTDA., 1937). Algumas cultivares selecionadas no viveiro Perret serviram como clones básicos no programa de melhoramento genético desenvolvido no Sul do País, como, por exemplo, a cultivar Ambrósio Perret: um dos progenitores das cultivares Magno, BR-6 e Safira.

Na Região Sul e, em particular, no Rio Grande do Sul, o cultivo do pessegueiro passou a ter maior importância a partir de década de 1960, onde, até então, mais de 80 % do pêssego consumido era importado. Supõe-se que nos anos de 1940 um produtor de nome Aldrighi tenha observado que uma planta, nascida de caroços jogados ao solo com o resíduo industrial, havia se desenvolvido e era rústica, produtiva e bem adaptada. Assim, iniciou a sua multiplicação, que se estendeu por muitos anos, por meio de sementes, e essa cultivar, que recebeu o nome de 'Aldrighi', deu grande impulso à expansão do pessegueiro na região (SACHS; CAMPOS, 1998), e é um importante marco

dessa cultura no País. A cultivar Aldrighi também se tornou um clone básico no programa de melhoramento para pêssego tipo conserva no Sul do País.

Histórico do melhoramento de pessegueiros no mundo

Durante a dispersão do pessegueiro pela Europa, populações adaptaram-se aos diversos ambientes e se constituíram em *landraces* selecionadas há centenas de anos por sua produtividade e resistência a estresse ambiental. Constituíram-se numa fonte de porta-enxertos, muito importante até hoje na Europa, apesar da popularidade que atualmente têm os porta-enxertos clonais (SCORZA; OKIE, 1991).

Após a Revolução Industrial, no século 16, formou-se uma classe mais próspera, que tinha grande interesse em jardins e pomares. Houve, então, uma grande expansão de fruteiras de várias espécies. Na Inglaterra, os pessegueiros eram plantados contra os muros ou até mesmo em espaços abertos. Os melhores foram logo propagados e distribuídos. Profissionais notáveis, como John Rivers, hibridizaram diversas plantas frutíferas e introduziram clones superiores da França e de outros países. Ocorreu, então, uma grande multiplicação de cultivares. Algumas foram levadas depois para as colônias. Diversas cultivares citadas na época eram, possivelmente, clonais, uma vez que os europeus já tinham, naquele tempo, conhecimentos sobre enxertia e propagação. Entretanto, houve uma confusão de nomenclatura. Outras tantas cultivares deveriam ser populações de *seedlings* (HESSE, 1975).

Nas colônias americanas, duas fontes principais de germoplasma básico de pessegueiro serviram para os avanços futuros, por meio de seleção. Foram eles: *seedlings* indígenas via México e sudeste, e as cultivares ou sementes trazidas da Inglaterra. Uma terceira fonte de germoplasma, que muito contribuiu para as cultivares que se têm hoje

nos Estados Unidos (várias das quais foram utilizadas também em programas de melhoramento no Brasil), foi a 'Chinese cling', uma introdução vinda da China, via Inglaterra.

Inicialmente, o germoplasma era propagado nos Estados Unidos por sementes, mas, na década de 1790, já havia oferta de plantas enxertadas (HESSE, 1975).

Logo após a Guerra Civil, surgiram na Geórgia as cultivares Belle of Georgia e Elberta, provenientes de *seedlings* selecionados de 'Chinese Cling', que era macho-estéril. Em decorrência disso, não se tem certeza a respeito de qual seria o progenitor masculino das duas cultivares citadas. Também foram importantes: 'Hiley', um *seedling* de 'Belle' e 'J.H. Hale', *seedling* de 'Elberta'. Algumas das cultivares plantadas ainda hoje com sucesso têm como ascendentes – há várias gerações anteriores – as cultivares J. H. Hale, Belle of Georgia, Elberta ou Chinese Cling (HESSE, 1975).

Um dos objetivos importantes do melhoramento genético do pessegueiro, para diversas regiões do globo, é a adaptação a condições de inverno ameno. O melhoramento institucional para pessegueiros de baixa e média necessidade em frio hibernal e, portanto, adaptados às condições de inverno ameno, começou em 1907 na Universidade da Califórnia (Riverside), e foi posteriormente, estendido por Weldom no Chaffey Junior College, em Ontário, Califórnia. Esses programas lançaram a cultivar Babcock, extensivamente utilizada em programas subsequentes (BYRNE et al., 2000). Mais tarde, o programa Armstrong usou 'Babcock' e outras cultivares para desenvolver uma série interessante de cultivares de pêssegos e de nectarinas, entre elas a 'Springtime', 'Panamint' e 'Junegold'.

Os primeiros dois programas terminaram na época em que outros começavam nos Estados Unidos (Flórida, Califórnia, Georgia, Lousiana e Texas), no Brasil (Campinas, Taquari e Pelotas), na Índia (Saharanpur, Uttar Pradesh) e na África do Sul. O programa de Armstrong terminou nos

anos de 1980 e outros foram iniciados na Califórnia (Sun World, Bakersfield), no sul da Geórgia (Attapulgis, programa em conjunto com a Universidade da Geórgia, a Universidade da Flórida e o USDA, Byron, Ga), no sul do Texas e no México (Chapingo e Queretaro).

Melhoramento de pêseços para industrialização

O primeiro programa de melhoramento genético para condições de inverno ameno, visando à criação de cultivares de média exigência de frio, produtoras de frutas tipo conserva, foi o programa de Palo Alto (CA, USDA/Stanford University). Esse programa terminou na década de 1940, e o melhoramento visando à criação de cultivares para processamento continuou na zona mais fria, na Universidade de Davis, na Califórnia (GRADZIEL et al., 1993).

Programas de melhoramento com a mesma finalidade, mas para condições de baixo frio hibernal, começaram no fim da década de 1950 em Pelotas e, na de 1960, na África do Sul. Em 1972, foram iniciados os programas em Tatura (Victoria, Austrália) e, nos anos de 1980, passaram a ser ativos, no México, dois programas, os quais desenvolveram seleções e cultivares para dupla finalidade (BYRNE et al., 2000).

O melhoramento no Brasil

O programa de melhoramento de pessegueiro foi iniciado no Brasil em 1950, por Orlando Rigitano, no Instituto Agrônômico de Campinas, São Paulo, visando à criação de cultivares adaptadas às condições desse estado. O material básico utilizado nesse programa consistiu de cultivares introduzidas da Flórida, tais como 'Jewel', 'Suber', 'Hall's yellow' e 'Angel', e *seedlings* introduzidos por colonizadores portugueses a partir do século 16.

Em 1953, foi iniciado um outro programa por Sérgio Sachs, na então Estação Fitotécnica de Taquari, da Secretaria da Agricultura do Estado do Rio Grande do Sul. Alguns anos depois, esse programa foi transferido para a Estação Experimental de Pelotas – atual Embrapa Clima Temperado – (FELICIANO, 1979).

Na década de 1940, foi selecionada por um agricultor de sobrenome Aldrighi, em sua propriedade no Município de Pelotas, a cultivar Aldrighi, provavelmente originária de pêssegos provenientes da Argentina. Essa cultivar foi introduzida na então Estação Experimental de Pelotas (EEP), em 1955, sob a forma de sementes (caroços) coletadas na fábrica de conservas Leal Santos. Como essa cultivar era, até então, propagada por sementes, quando Sérgio Sachs iniciou o trabalho em Pelotas pôde selecionar mais de 100 clones na zona produtora de pêssegos para indústria (RASEIRA; NAKASU, 1998; FELICIANO, 1979). Esses clones, bem como cerca de 200 cultivares introduzidas, constituíram o material genético básico para o programa de melhoramento. Em 1957, milhares de sementes híbridas ou resultantes de polinizações abertas foram trazidas para a EEP, provenientes da Flórida, da Geórgia, da Carolina do Norte, da Califórnia e, principalmente, da Universidade de Rutgers, New Jersey (FELICIANO, 1979). O programa de Pelotas teve, durante muitos anos, o apoio do Dr. Leon Frederic Hough, da Universidade de Rutgers, hoje falecido, e contou também com o apoio da equipe da Estação Fitotécnica de Taquari, RS.

Mais recentemente, em Pelotas, o germoplasma do programa vem sendo enriquecido com pólen recebido da Universidade de Arkansas (EUA), do USDA (Geórgia e Califórnia), da Universidade de Davis (Califórnia), da China, de Taiwan e de germoplasma proveniente da Flórida, do Texas e da Geórgia (EUA), de Toronto, no Canadá, da Bolívia, do México e da Espanha.

Byrne et al. (2000) fizeram estudo sobre clones de fundação (clones básicos) dos programas de melhoramento para

baixa e média exigência de frio, baseado em lançamentos de cultivares realizados em um período de quase 20 anos, a partir de 1976. Para o programa de criação de cultivares de polpa fundente, para consumo fresco, esses autores concluíram que, no programa de Pelotas, em 49 % das cultivares estudadas havia a participação, ou a contribuição, de um dos seguintes clones: 'Delicioso', 'Precoce Rosado', 'Admirável' e '15 de Novembro'; em 14 % havia a participação de 'Hawian', 'Peento' ou 'Strawbery'; e em 26 %, de 'J. H. Hale', 'Rio Oso Gen', 'Boston' e 'St. John' (estes quatro últimos são de alta exigência de frio). Já no programa de São Paulo, em 36 % das cultivares estudadas havia a participação de 'Peento', 'Suber', 'Okinawa', 'Hawaian' e 'Strawbery'; em 33 %, de 'Rei da Conserva', 'Pérola de Itaquara' e 'Taichi'; e havia 19 % de germoplasma de alta exigência de frio, assim distribuídos: 15 % com a participação de 'J.H. Hale', 'Rio Oso Gen', 'Boston' e 'St. John'; 4 %, de 'Cardinal'; e 5 % de 'Lake City'. Para o programa que visa à criação de cultivares de polpa não fundente, tipo conserva, segundo o levantamento do mesmo autor houve 26 % de contribuição da cultivar Aldrighi; 15 % de 'Ambrósio Perret'; 6 % de 'Abóbora'; 5 % de 'Intermediário' (provavelmente, descendente de 'Aldrighi'); 15 % de 'Lake City'; 6 % de 'Amsdem'; e 5 % de 'Peento'.

Tendências no melhoramento

Há necessidade de maior número de cultivares? No mundo todo, há centenas de cultivares de pessegueiros e de nectarineiras. Os viveiros no sudeste dos Estados Unidos listam entre 50 e 150 cultivares, enquanto a California Tree Fruit Agreement lista entre 80 e 85, entre as principais cultivares de pessegueiros, e um igual número de nectarineiras. O livro publicado por W. Okie, em 1998, *The USDA Handbook*, descreve 700 cultivares de pessegueiros e nectarineiras, e o *The Brooks and Olmo*

Register of Fruit and Nut Varieties (BROOKS; OLMO, 1997) lista em torno de 300 cultivares de nectarineiras e cerca de 1.000 cultivares de pessegueiro, considerando-se apenas os Estados Unidos. Entretanto, nos últimos 20 anos têm sido lançadas, anualmente, no mundo todo, entre 60 e 70 cultivares (DELLA STRADA et al., 1996; FIDEGHELLI et al., 1998).

Há necessidade de todas essas cultivares? Não, muitas são obsoletas. Então, serão necessárias mais cultivares? A resposta é sim, porque os mercados mudam, e os sistemas de produção e a localização das regiões de plantio também estão mudando.

Quem desenvolve essas cultivares? Quase 50 % das variedades lançadas no mundo todo são desenvolvidas nos Estados Unidos. A Europa (principalmente a França e a Itália) é responsável por 30 %. Um menor número é desenvolvido na África do Sul, na Austrália, na Ásia (principalmente na China e no Japão) e na América Latina (no México e no Brasil). Essas porcentagens têm se mantido nos últimos 20 anos. Entretanto, há um aumento das atividades de melhoramento na Ásia, na Austrália e na América Latina, assim como um interesse, em termos mundiais, de testar e de comercializar novas cultivares dos programas já estabelecidos.

Em termos mundiais, os programas públicos de melhoramento, quando comparados aos programas de iniciativa privada, têm lançado um menor número de cultivares (de 33 % a 45 % do total, desde 1980). O mesmo não se verifica no Brasil, onde existe apenas um programa de melhoramento de viveiro particular. Nos Estados Unidos, cerca de 50 % dos programas públicos foram encerrados desde 1970. Atualmente, os programas de instituições públicas dos EUA sustentam-se com o recurso financeiro de patentes e por meio de parcerias com colaboradores privados que testam e comercializam as novas cultivares. Embora esses mecanismos estejam funcionando, levam a uma menor troca de germoplasma entre órgãos públicos.

Diversificação dos tipos de frutas

Nos anos de 1950 e no início dos anos de 1960, as nectarinas eram quase uma raridade. Hoje, no mundo todo, as nectarineiras representam $\frac{1}{3}$ do total de novas cultivares de pessegueiros e de nectarineiras lançadas. Essa diversificação é devida à tendência dos supermercados de venderem um maior número de itens, tanto em tipos como em variedades, de uma determinada espécie frutífera. Já é possível encontrar, em alguns casos, pêssegos e nectarinas de polpa branca, amarela, ácidas ou com baixa acidez, com polpa fundente ou não fundente, com maior ou menor coloração vermelha na película. No futuro, será incluído um maior número de frutas de forma platicarpa (*pentao*), bem como com polpa laranja e vermelha. Como sempre, o mercado está mudando e há uma necessidade de os programas de melhoramento se adaptarem a eles.

Benefícios para a saúde

Os carotenóides e as antocianinas encontrados nos pêssegos têm propriedades antioxidantes, as quais protegem contra várias patologias, tais como: inflamações, câncer, arteriosclerose e problemas circulatórios (PRIOR; CAO, 2000; WARGOVICH, 2000). O marketing que enfatiza a saúde tem buscado incentivar o aumento do consumo de produtos in natura. Entretanto, ainda não foram desenvolvidas cultivares de pessegueiros para aumentar, especificamente, o teor desses fitoquímicos. Isso tem estimulado alguns melhoristas a buscarem o desenvolvimento de frutas com maior conteúdo de caroteno e de antocianinas (BYRNE, 2005), tanto para mercado in natura como para processamento. Além disso, desde que se tenha a cultivar apropriada essa orientação pode ir além do consumo direto da fruta e incluir o desenvolvimento de extratos que seriam fontes naturais de antioxidantes, substâncias antimicrobianas e corantes (CEVALLOS-CASALS et al., 2006).

Segurança

A preocupação com a segurança dos trabalhadores em agricultura, com a contaminação potencial do ambiente, e com a segurança dos consumidores tem conduzido os governos a editarem medidas cada vez mais restritas ao uso de produtos químicos na agricultura, bem como a promoverem o uso de estratégias alternativas para o controle de pragas e de doenças. No futuro, serão feitos testes de resíduos, em maior número e precisão, e mais severas serão as penalidades para os produtores de frutas nas quais sejam encontrados resíduos.

Uma das estratégias alternativas para que se reduza o uso de pesticidas é a utilização de cultivares resistentes a pragas e a doenças. Há exemplos, nos programas, para resistência a: podridão-parda (Brasil, Califórnia, México e Itália), oídio (México, França e Itália), pulgões (França e Itália), bacteriose (sudeste e áreas úmidas dos Estados Unidos) e sharka (Europa), entre outras (BYRNE et al., 2000). Um dos objetivos mais citados na engenharia genética é a inserção, na planta, de genes para resistência, o que poderá levar à redução da aplicação de pesticidas.

Qualidade da fruta

Ainda que seja possível assegurar uma excelente qualidade externa (tamanho e aparência) das frutas de caroço, a consistência de sua qualidade interna é pobre quando comparada à de outras espécies como uvas, maçãs e frutas cítricas. As linhas de seleção nas *packing houses* selecionam tamanho, cor e descartam defeitos externos, mas não selecionam a qualidade interna. Tradicionalmente, as medidas dos parâmetros de qualidade interna (firmeza, sólidos solúveis, acidez titulável) são destrutivas e, por isso, feitas por amostragem. Embora seja possível identificar, dessa forma, um lote de frutas particularmente pobre, a única forma para assegurar uma alta qualidade, de maneira

consistente, é testar as frutas individualmente. Trabalhos recentes que usam métodos não destrutivos, para medir qualidade interna por sonografia e sistemas com luz infravermelha, têm se mostrado promissores. Isso possibilitará que as frutas sejam selecionadas, individualmente, por sua qualidade, e exigirá padrões de qualidade mais altos nas cultivares desenvolvidas.

A firmeza da fruta é uma característica importante para facilitar o manuseio e a comercialização. Nos Estados Unidos, as frutas comercializadas para consumo in natura são as de polpa fundente, como a maioria dos pêssegos brancos, doces e de baixa acidez encontrados no Brasil. Apesar do progresso alcançado no desenvolvimento de frutas de polpa fundente firme, grande parte dos esforços atuais está voltada para o desenvolvimento de cultivares com polpa ainda mais firme, como as produtoras de pêssegos não fundentes e de maturação lenta – *stony hard* e *slow ripening gene* – (BYRNE et al., 2000; GOFFREDA, 1999).

Pesquisas indicam que, em geral, um teor de sólidos solúveis totais (SST) inferior a 10 % não é aceito pelos consumidores. Tem havido um notável progresso no desenvolvimento de pessegueiros e de nectarineiras de meia estação e tardios, produtores de frutas com alto teor de sólidos solúveis. Para essa época de maturação, busca-se a obtenção de pêssegos com 17 % a 20 % de SST. Infelizmente, o teor de sólidos solúveis e a precocidade de maturação são correlacionados negativamente, e é muito difícil obter pêssegos precoces com mais de 12° Brix.

À medida que são desenvolvidos pêssegos e nectarinas de alta qualidade, muitos outros aspectos precisam ser considerados, inclusive componentes aromáticos do sabor, quantidades relativas de açúcares específicos (sacarose, glucose, frutose, sorbitol), textura e acidez. Mas, como as práticas culturais (poda, adubação, irrigação e colheita) têm grande influência na qualidade final, é necessário especificar quais são as práticas mínimas para obtenção do mais alto potencial de qualidade da cultivar.

Características pós-colheita

Com a globalização do mercado, é esperado um suprimento do produto durante todo o ano. Em decorrência disso, as cultivares de frutas devem ter características adequadas para permitir seu transporte e comercialização por diversas semanas, sem perder a qualidade ou apresentarem deterioração interna (*internal breakdown*). Isso implica a necessidade de controlar o processo de amadurecimento.

O ideal seria um pêssago que pudesse ser colhido quando maduro, armazenado e induzido ao completar a maturação, quando colocado no mercado varejista. Há genes no pessegueiro, como o *stony hard* (GOFFREDA, 1992) e o *slowripening* – amadurecimento lento – (BRECHT; KADER, 1984), que controlam o etileno e a velocidade de maturação, à semelhança dos encontrados em tomate, cujo sistema de maturação de fruta foi muito estudado. Provavelmente é possível usar a informação disponível para outras espécies para entender e identificar os genes que controlam a maturação em pêssagos.

O problema mais comum na pós-colheita é o dano por frio, que inclui o escurecimento da polpa e a lanosidade. Ainda que se tenha dedicado muito trabalho ao controle desse problema, por meio da manipulação das condições de armazenamento (principalmente temperatura), apenas recentemente têm sido obtidos dados comparativos entre diferentes cultivares com relação a esse aspecto (CRISOSTO et al., 1999). A comparação entre cultivares é o primeiro passo para que se possa estabelecer uma técnica rápida para avaliação de *seedlings*, em relação aos danos que podem ocorrer durante o armazenamento. A base genética e fisiológica da conservação pós-colheita e de outras características necessita ser mais bem estudada.

Simplificação de práticas culturais

Nos últimos 20 anos, muitos estudos têm sido direcionados para o desenvolvimento de novos sistemas de condução,

de controle químico do crescimento e de controle do crescimento pelo porta-enxerto. Um dos objetivos tem sido o de modificar a estrutura da planta por meio do porta-enxerto.

Os porta-enxertos variam desde aqueles que conferem à copa um tipo de crescimento padrão, mas com melhor ramificação e aumento de formação de esporões (SCORZA, 1987; GRADZIEL, 2002), até aqueles que desenvolvem cultivares com uma arquitetura de planta diferenciada (SCORZA et al., 1989). Esses novos hábitos de crescimento compreendem o anão (ou semi-anão), o compacto, o colunar ou o prostrado. O sistema de condução ótimo será específico para cada tipo de arquitetura de planta (BASSI et al., 1994; MILLER; SCORZA, 2002), e a comercialização pelos viveiristas de novas cultivares com esses hábitos de crescimento deve vir acompanhada de recomendações sobre a sua condução adequada.

Expansão das zonas produtoras

De acordo com dados da FAO, nos últimos 30 anos a produção de pêssegos e de nectarinas dobrou, e a maior parte desse incremento se deu nos países em desenvolvimento. A produção nos países desenvolvidos, tais como Japão, Canadá, Estados Unidos e muitos países europeus, manteve-se estável ou até decresceu nos últimos 15 a 20 anos. A China teve o maior aumento de produção (BYRNE, 2002).

Há uma tendência de aumento da produção de cultivares de média (de 350 a 650 unidades de frio) e de baixa (menos de 350 unidades de frio) necessidade de frio hibernal, tanto sob cultivo protegido (China) quanto em condições subtropicais e tropicais, tais como na América do Sul (Brasil, Bolívia, Uruguai, e Equador) e no norte da África (Argélia, Egito, Marrocos e Tunísia). Essa situação proporciona a extensão do período de colheita, antecipando-a em 30 dias ou mais, em

relação àquela de regiões tradicionais de cultivo, com alto acúmulo de frio. Nos últimos 20 anos, em todo o mundo vêm sendo intensificadas as atividades em muitos programas de melhoramento para médio e baixo frio, bem como esforços adicionais tanto públicos quanto privados (BYRNE et al., 2000).

No Hemisfério Sul (Chile, África do Sul e Austrália), tem ocorrido um aumento na produção de pêssegos para que sejam comercializados no Hemisfério Norte. Apesar de, até o presente, o Chile utilizar principalmente cultivares californianas, há necessidade de cultivares mais bem adaptadas, com excelentes características pós-colheita. A África do Sul e a Austrália direcionam as atividades de melhoramento para seus mercados de exportação (BYRNE et al., 2000).

Considerações

Nos últimos 20 anos, os programas de melhoramento de pessegueiro do mundo têm lançado, anualmente, cerca de 60 a 70 novas cultivares de pessegueiros e nectarineiras, tentando acompanhar as mudanças no mercado, nas restrições relativas à produção, às práticas culturais e às novas áreas de produção. O trabalho tem sido produtivo, e podem ser observados os seguintes fatores: significativa diversificação de frutas, melhoria de qualidade, características na pós-colheita e expansão de pomares comerciais para novas áreas com distintas necessidades de adaptação. A eficiência e a consistência de produção de um produto de alta qualidade são essenciais para manter o lucro em um mercado de crescente competitividade. Muito mais deve ser feito tanto no desenvolvimento de novas cultivares como em pesquisa básica, em genética e em desenvolvimento de germoplasma, bem como em tecnologia de produção. Apesar da redução de recursos voltados para pesquisas básicas, há fatores que indicam que a capacidade de desenvolvimento de cultivares melhoradas pode ser acelerada. Entre esses fatores, podem ser destacados: os avanços recentes no mapeamento do

genoma de *Prunus*, o uso de marcadores para seleção assistida, a melhoria nos métodos de resgate de embriões, e o entendimento da base molecular de genes que controlam a maturação e a resistência a doenças.

Perspectivas futuras

Além do melhoramento tradicional, que utiliza os processos de introdução, hibridação e seleção, diversas técnicas para manipulação de genes em pêsego, incluído uso de variação somaclonal e de transferência de genes, têm sido utilizadas recentemente, mas todas elas dependem do processo de regeneração. Esse processo é mais difícil em pessegueiro do que na maioria das demais espécies frutíferas de clima temperado. O esforço dos pesquisadores, entretanto, poderá levar a protocolos com maior índice de sucesso.

O genoma do pessegueiro é pequeno e possui cerca de 265 a 295 milhões de pares de bases no genoma haplóide. Esse fato, aliado ao pressuposto de que há baixo número de cópias de genes e alta incidência de polimorfismo em cultivares comerciais, torna essa espécie uma excelente candidata ao mapeamento molecular e ao desenvolvimento de um mapa saturado, no qual características morfológicas ou bioquímicas, de interesse, possam ser localizadas (SCORZA; SHERMAN, 1996). Abbott et al. (1998) desenvolveram mapa de *linkage* saturado em três cruzamentos, segregando para importantes caracteres agrônômicos, que controlam qualidade da fruta, arquitetura da planta e características de porta-enxertos.

A caracterização de cultivares, linhagens ou híbridos, por meio de marcadores moleculares, tem sido de grande importância na proteção do direito intelectual do melhorista, e é utilizada como prova legal em processos jurídicos nos países em que já vigoram as leis de proteção de cultivares. Com a aprovação, no Brasil, da Lei de Proteção de Cultivares (Lei nº 9.456, de 25 de abril de 1997), o

Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC), órgão vinculado ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, ficou responsável pelo registro de novas variedades. Portanto, para que uma nova variedade seja protegida, é necessário demonstrar que ela é diferente de qualquer outra da mesma espécie. Atualmente, a proteção é obtida com base em descritores morfológicos. Entretanto, em espécies que possuem uma estreita base genética, como é o caso do pessegueiro, as novas variedades tendem a ser muito semelhantes e, muitas vezes, indistinguíveis com base nessas características. Dessa forma, freqüentemente é necessária a utilização de um sistema com base em marcadores de DNA. Com a utilização de marcadores multialélicos e altamente conservados, como os microssatélites (SSR), é possível obter um padrão único para cada variedade.

Pelo exposto, pode-se verificar que o pessegueiro, desde sua origem na Ásia, foi submetido a diversos ciclos de seleção natural e artificial. Além disso, cultivares melhoradas, oriundas de outros países, estão atualmente sendo introduzidas na China. Consideráveis avanços foram obtidos com essa espécie; no entanto, muito esforço ainda terá de ser empenhado no campo do melhoramento genético de pessegueiro. Enfim, muito há ainda para ser feito no intuito de desenvolver cultivares que melhor satisfaçam necessidades e preferências do mercado consumidor.

Referências

ABBOTT, A. G.; RAJAPAKSE, S.; SONINSKI, B.; LU, Z. X.; SOSSEY-ALAOUI, K.; GAMMAVARAPIS, M.; REIGHAND, G.; BALLARD, R. E.; BAIRD, W. V.; SCORZA, R.; CALLAHAN, A. Construction of saturated linkage maps of peach crosses segregating for characters controlling fruit quality, tree architecture and pest resistance. *Acta Horticulturae*, Bordeaux, n. 465, v. 1, p. 41-50, 1998.

AMBROSIO PERRET & CIA LTDA. **Plantas e sementes**: preços correntes para os anos de 1937-1938. Catalogo geral descritivo das plantas frutíferas, árvores e arbustos de ornamento e sementes da Quinta Bom Retiro. Pelotas: Globo 1937. 89 p.

BASSI, D.; DIMA, A.; SCORZA, R. Tree structure and pruning response of 6 peach growth forms. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Mount Vernon, v. 119, n. 3, p. 378-382, 1994.

BRECHT, J. K.; KADER, A. A. Ethylene production by fruit of some slow ripening nectarine genotypes. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Mount Vernon, v. 109, p. 763-767, 1984.

BROOKS, R. M.; OLMO, H. P. **The Brooks and Olmo register of fruit and nut varieties**. Alexandria: ASHS, 1997, 744 p.

BYRNE, D. H. Peach breeding trends: a world wide perspective. **Acta Horticulturae**, Davis, n. 592, p. 49-59, 2002.

BYRNE, D. H.; SHERMAN, W. B.; BACON, T. A. Stone fruit genetic pool and its exploitation for growing under warm winter conditions. In: EREZ, A. (Ed.). **Temperate fruit crops in warm climates**. Boston: Kluwer, 2000. p. 157-230.

BYRNE, D. H. Trends in stone fruit cultivar development. **Hort Technology**, Alexandria, v. 15, n. 3, p. 494-500, 2005.

CEVALLOS-CASALS, B.; BYRNE, D. H.; OKIE, W. R.; CISNEROS-ZEVALLOS, L. Selecting new peach and plum genotypes rich in phenolic compounds and enhanced functional properties. **Food Chemistry**, Barking, v. 96, p. 273-280, 2006.

CRISOSTO, C.; MITCHELL, F.; JU, Z. Susceptibility to chilling injury of peach, nectarine, and plum cultivars. **HortScience**, Alexandria, v. 34, p. 1.116-1.118, 1999.

DELLA STRADA, G.; FIDEGHELLI, C.; GRASSI, F. Peach and nectarine cultivars introduced in the world from 1980 to 1992. **Acta Horticulturae**, Beijing, v. 374, p. 43-51, 1996.

FELICIANO, A. J. Melhoramento genético do pessegueiro no Brasil. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 5., 1979, Pelotas. **Anais...** Pelotas: Sociedade Brasileira de Fruticultura, 1979. p. 1259-1274.

FIDEGHELLI, C.; DELLA STRADA, G.; GRASSI, F.; MORICO, G. The peach industry in the world: Present situation and trend. **Acta Horticulturae**, Bordeaux, v. 465, p. 29-39, 1998.

GOFFREDA, J. C. Stony hard gene of peach alters ethylene biosynthesis, respiration, and other ripening related characteristics. **HortScience**, Alexandria, v. 27, p. 122, 1992.

GOFFREDA, J. C. White-fleshed peach and apricot breeding. **The Compact Fruit Tree**, Napier, v. 32, p. 123-127, 1999.

GRADZIEL, T. M. Almond species as sources of new germplasm for peach improvement. **Acta Horticulturae**, Davis, v. 592, p. 81-88, 2002.

GRADZIEL, T. M.; BERES, W.; PELLETREAU, K. Inbreeding in California canning clingstone peach cultivars. **Fruit Varieties Journal**, Urbana, v. 47, p. 160-168, 1993.

GRANDO, M. Z. **Pequena agricultura em crise: o caso da colônia francesa no Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: FEE, 1990. 209 p.

HEDRICK, U. P. **The peaches of New York**. Albany: J. B. Lyon, 1917. 541 p.

HESSE, C. O. Peaches. In: JANICK, J.; MOORE, J. N. **Advances in fruit breeding**. West Lafayette: Purdue University Press, 1975. p. 285-335.

JELENKOVIC, G.; HARRINGTON, E. Morphology of the pachytene chromosomes in *Prunus persica*. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 14, p. 317-324, 1972.

MILLER, S.; SCORZA, R. Training and performance of pillar, upright, and standard form peach trees – early results. **Acta Horticulturae**, Davis, v. 592, p. 391-399, 2002.

MOORE, J. N.; BALLINGTON JUNIOR, J. R. **Genetic resources of temperate fruit and nut crops**. Wageningen: International Society for Horticultural Science, 1990. 488 p.

- OKIE, W. R. **Handbook of peach and nectarine varieties**. Washington: USDA, 1998. 808 p.
- PÊSSEGO: volume comercializado. **AGRIANUAL**, São Paulo, p. 436-442, 2007.
- PRIOR, R. L.; CAO, G. Antioxidant phytochemicals in fruits and vegetables: diet and health implications. **HortScience**, Alexandria, v. 35, p. 588-592, 2000.
- RASEIRA, M. do C. B.; NAKASU, B. H. Cultivares: descrição e recomendação. In: MEDEIROS, C. A. B.; RASEIRA, M. do C. B. (Ed.). **A cultura do pessegueiro**. Brasília: Embrapa-SPI; Pelotas: Embrapa-CPACT, 1998. p. 29-99.
- SACHS, S.; CAMPOS, A. D. O pessegueiro. In: MEDEIROS, C. A. B.; RASEIRA, M. do C. B. (Ed.). **A cultura do pessegueiro**. Brasília: Embrapa-SPI; Pelotas: Embrapa-CPACT, 1998. p. 13-19.
- SCORZA, R. Identification and analysis of spur growth in peach (*Prunus persica* L. Batsch). **Journal of Horticultural Science**, Ashford Kent, v. 62, p. 449-455, 1987.
- SCORZA, R.; LIGHTNER, G. W.; LIVERANI, A. The pillar peach tree and growth habit analysis of compact X pillar progeny. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Mount Vernon, v. 114, p. 991-995, 1989.
- SCORZA, R.; OKIE, W. R. Peaches (*Prunus*). In: MOORE, J. N.; BALLINGTON JUNIOR, J. R. (Ed.). **Genetic resources of temperate fruit and nut crops**. Wageningen: International Society for Horticultural Science, 1991. p. 175-231.
- SCORZA, R.; SHERMAN, W. B. Peaches. In: JANICK, J.; MOORE, J. N. (Ed.) **Fruit breeding, tree and tropical fruit: temperate fruits**. New York: J. Wiley, 1996. p. 325-440.
- SOTO, F. G. Situación actual y perspectivas del sistema producto durazno. In: CONGRESO NACIONAL DEL SISTEMA-PRODUCTO DURAZNO, 2005, Uruapan. **Programa y memoria de resúmenes**. Uruapan: Facultad de Agrobiología "Pte Juárez", 2005. p. 2-3.
- WANG, Y. Peach growing and germoplasm in China. **Acta Horticulturae**, Verona, v. 173, p. 51-55, 1985.
- WARGOVICH, M. J. Anticancer properties of fruits and vegetables. **HortScience**, Alexandria, v. 35, p. 573-575, 2000.
- WATKINS, R. Cherry, plum, peach, apricot and almond. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. (Ed.) **Evolution of crop plants**. London: Longman, 1995. p. 423-429.
- ZANETTE, F.; BIASI, L. A. Introdução a fruteiras de caroço. In: MONTEIRO, L. B.; DE MIO, L. L. M.; SERRAT, B. M.; MOTTA, A. C.; CUQUEL, F. L. **Fruteiras de caroço: uma visão ecológica**. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 2004. p. 1-4.



Petúneas-de-jardim

Conhecendo as espécies silvestres
para entender a planta cultivada

Foto: Antônio Roberto Marchese de Medeiros



Petúnias-de-jardim

Loreta Brandão de Freitas
Aline Pedroso Lorenz-Lemke
João Renato Stehmann

O gênero, sua história e caracterização

O gênero *Petunia s.l.* é conhecido popularmente como petúnia-de-jardim, um híbrido artificial cultivado no mundo todo. Os maiores produtores mundiais de sementes são os Estados Unidos, o Japão e a Alemanha. Essas plantas são muito utilizadas para plantio de primavera em países de clima temperado. O comércio de sementes rende milhões de dólares e as petúnias-de-jardim estão entre as plantas ornamentais anuais mais importantes mundialmente. Apesar de as duas espécies parentais desse híbrido serem nativas do Rio Grande do Sul, o Brasil importa as sementes que consome principalmente do Japão e dos Estados Unidos, e não existe, no País, um programa de melhoramento para a espécie cultivada, nem programas de preservação das espécies nativas.

Além de sua importância ornamental e econômica, a petúnia-de-jardim é muito utilizada em pesquisas

científicas, principalmente na área da genética. Sua utilização nesses experimentos se deve a características como fácil cultivo em casa-de-vegetação ou in vitro, rápido crescimento e ciclo reprodutivo curto. As flores são relativamente grandes, e a produção de frutos e de sementes é abundante, não havendo problemas para a fertilização artificial. Os experimentos conduzidos que utilizam essa espécie como modelo têm permitido o entendimento de problemas bastante significativos para a área da genética vegetal, tais como os mecanismos de auto-incompatibilidade, síntese de flavonóides, controle do desenvolvimento floral e dinâmica de elementos móveis no genoma (GERATS; VANDENBUSSCHE, 2005). Diversos experimentos têm sido realizados com essa planta para que se estabeleçam protocolos de transformação e cultura de tecidos, a fim de que sejam utilizados depois em outras espécies de Solanaceae, com importância medicinal ou agrônômica.

O primeiro híbrido interespecífico que deu origem à petúnia-de-jardim foi obtido por um jardineiro inglês, de nome Atkins, em 1834. Foi relatado por Sweet como *Nierembergia atkinsiana* e redescrito e ilustrado por Hooker, em 1937, como *Petunia violacea* Hybrida. O cruzamento original foi realizado entre as espécies *Petunia axillaris* (Lam.) Britton, Sterns & Poggenb. e *Petunia integrifolia* (Hook.) Schinz & Thell. (muitas vezes citada sob o nome *Petunia violácea* Lindley, um sinônimo). O sucesso dos híbridos (comumente designados como *P. hybrida* Vilm.) se deveu à perda da auto-incompatibilidade em algumas linhagens obtidas, que permitiu sua reprodução em casa-de-vegetação, ao contrário do que ocorre com *P. integrifolia*. Uma discussão sobre a história da obtenção do híbrido cultivado foi apresentada por Sink (1984).

O nome petúnia deriva da designação indígena para tabaco (*petum* ou *betum*), decorrente da semelhança entre a primeira espécie descrita (*P. nyctaginiflora* Juss. = *P. axillaris*) com espécies de *Nicotiana* L. A história do gênero *Petunia* começou em 1789, quando Lamarck

descreveu uma espécie nova coletada na foz do Rio da Prata (Montevidéu, Uruguai), à qual deu o nome de *Nicotiana axillaris*, posteriormente reconhecida como pertencente ao gênero *Petunia*. Em 1803, Jussieu descreveu o gênero e duas espécies também provenientes da região da foz do Rio da Prata. Desde então, várias petúnias foram descritas e incluídas em outros gêneros relacionados, como *Nierembergia* Ruiz & Pav. e *Fabiana* Ruiz & Pav., até que, em 1846, foi publicada a revisão da família Solanaceae para Flora Brasiliensis por Sendtner, na qual os gêneros de Solanaceae foram mais bem caracterizados e delimitados. Em 1911, Fries publicou uma monografia para o gênero, em que reconheceu 27 espécies.

De lá para cá, muitas espécies novas foram descritas, a maioria para o Sul do Brasil. Na *Flora ilustrada catarinense*, publicada em 1966 por Smith e Downs, foram descritas nove espécies. Além do aumento do número de espécies, profundas modificações na circunscrição do gênero ocorreram nas últimas décadas. Wijsman (1982) e Wijsman et al. (1983) realizaram diversos cruzamentos interespecíficos com interesse no melhoramento e no entendimento da origem da petúnia-de-jardim. Os resultados de seus trabalhos indicaram a existência de dois grupos, os quais apresentavam, dentro de cada um, compatibilidade nos cruzamentos e características morfológicas únicas. Com base no número cromossômico distinto, na ausência de homologia cariotípica e no padrão diferente obtido na análise de isoenzimas, Wijsman e Jong (1985) separaram *Petunia* em dois gêneros distintos, inicialmente designados *Petunia* Juss. e *Stimoryne* Rafin. Mais tarde, para evitar que a petúnia-de-jardim fosse transferida para o gênero *Stimoryne*, foi sugerida e aceita a manutenção das espécies relacionadas à petúnia-de-jardim no gênero *Petunia* (*sensu stricto*), e as demais foram transferidas para o gênero *Calibrachoa* La Llave & Lex., que foi revalidado.

Os primeiros estudos desenvolvidos para avaliar o número cromossômico, bem como algumas características de sua

morfologia, foram os publicados por Wijsman e Jong (1985). Neles os autores analisaram pouco mais de 10 % das espécies do gênero, mas foram hábeis em determinar as principais diferenças entre os dois grupos de espécies: enquanto um apresentava n=7, o outro tinha n=9. Além disso, a média do comprimento dos cromossomos de *Petunia s.s.* era de 4 µm a 7 µm, enquanto, para as espécies de *Calibrachoa*, era de 2 µm a 3,5 µm. Posteriormente, as contagens realizadas no restante das espécies dos gêneros confirmaram que o número cromossômico para cada um deles era constante.

Em 1999, Stehmann revisou o gênero e aceitou a proposição de Wijsman e Jong (1985), que reconhecia a existência de 11 espécies, 10 das quais no Brasil. As características morfológicas que permitiram distinguir as espécies de *Petunia* daquelas de *Calibrachoa* foram as seguintes: a prefloração imbricada, as células da superfície da semente com paredes onduladas, o cálice geralmente profundamente fendido e o hábito herbáceo das plantas.

As espécies nativas

As espécies nativas do gênero apresentam distribuição exclusivamente sul-americana, predominantemente subtropical atlântica, e são restritas à região que fica entre os paralelos 22° e 39°S. Essas espécies habitam as províncias biogeográficas paranaense, pampiana e chaquenha, algumas ocorrem em campos associados à Floresta Ombrófila Mista (com araucária) e outras como elementos pampianos do Sul do Brasil, Uruguai e Argentina. Apenas duas espécies, *P. axillaris* e *P. occidentalis* R. E. Fr., podem ser encontradas nas serras subandinas da região ocidental chaquenha na Argentina e no sul da Bolívia, e dessas apenas a última não ocorre no Brasil.

As espécies de *Petunia* são geralmente herbáceas, anuais e, predominantemente, heliófilas. Habitam campos,

afloramentos rochosos e capoeiras da zona de transição entre o campo e a mata. Esses indivíduos podem ser encontrados sobre os mais diferentes tipos de solo, mesmo em ambientes alterados pelo homem, como lavouras abandonadas, da mesma forma que acontece com *P. integrifolia*, considerada invasora por alguns autores. Muitas podem ocorrer em beiras de estrada e outras crescem até mesmo em locais sombreados (STEHMANN, 1999). Existem relatos de que a espécie cultivada, *Petunia hybrida*, pode tornar-se subespontânea.

O Brasil é o centro de diversidade do gênero, e a maior riqueza em espécies concentra-se na Região Sul. Apenas duas espécies possuem distribuição que pode ser considerada ampla, *P. axillaris* e *P. integrifolia*. Já a maioria das espécies é endêmica de áreas bastante restritas e algumas são consideradas ameaçadas de extinção.

Petunia axillaris é a espécie que apresenta a maior área de distribuição geográfica, e ocorre no Uruguai, na Argentina, na Bolívia e no extremo Sul do Brasil. Está presente tanto na província pampiana quanto nas serras da região subandina. Para essa espécie são propostas três subespécies, com zonas de contato e hibridação entre elas.

Petunia integrifolia também apresenta uma ampla área de distribuição, e pode ser encontrada na Argentina, no Uruguai e no Brasil, nas províncias pampiana, chaquenha e paranaense. Diferentes autores sugerem a ocorrência de diversas subespécies, relacionadas às regiões fitogeográficas específicas, as quais podem ser consideradas como espécies por outros autores.

Nas regiões mais altas do planalto sul-brasileiro são encontradas cinco espécies: *P. altiplana* T. Ando & Hashim., *P. bonjardinensis* T. Ando & Hashim., *P. reitzii* L. B. Sm. & Downs, *P. saxicola* L. B. Sm. & Downs e *P. scheideana* L. B. Sm. & Downs. *Petunia altiplana* é uma espécie característica de campos úmidos associados às matas com araucárias, e ocorre na borda oriental do planalto catarinense e no nordeste gaúcho. É a única espécie desse gênero que possui o hábito

repentante (produz raízes adventícias junto aos nós). *Petunia bonjardinensis* é endêmica dos campos de altitude no planalto catarinense, e ocorre entre 1.200 m e 1.400 m de altitude. Essa espécie habita principalmente os campos nativos, mas pode ser encontrada em beira de estradas ou em ambientes igualmente perturbados. *Petunia reitzii* é endêmica de uma pequena região da borda oriental do planalto sul-brasileiro, em Santa Catarina. Ocorre nos campos associados à Floresta Ombrófila Mista, em altitudes superiores a 1.000 m. *Petunia saxicola* é conhecida como existente em uma única localidade, entre os municípios de Otacílio Costa e Petrolândia, no Estado de Santa Catarina. Ocorre em rochas úmidas, em locais sombreados e de solo humoso. *Petunia scheideana* ocorre nos estados de Santa Catarina e do Paraná, numa região denominada de segundo planalto paranaense, e ocupa uma zona de transição entre a mata e o campo.

Na Serra do Sudeste do Rio Grande do Sul, além de *P. integrifolia* e de *P. axillaris* duas espécies endêmicas são encontradas: *P. exserta* Stehmann e *P. secreta* Stehmann & Semir. *Petunia exserta* é restrita aos afloramentos rochosos de origem sedimentar da Serra do Sudeste do Rio Grande do Sul, onde habita as reentrâncias rochosas sombreadas das guaritas. De flores naturalmente vermelhas, tem grande potencial para ser usada em programas de melhoramento da espécie cultivada, com a finalidade de estabilizar os híbridos dessa coloração. *Petunia secreta* é a espécie mais recentemente descrita do grupo, a qual é encontrada numa área muito restrita, a Pedra do Segredo, na região das Guaritas, Serra do Sudeste. Nesse local, as plantas crescem expostas ao sol e em solos pobres.

Petunia mantiqueirensis T. Ando & Hashim. é uma espécie que apresenta populações pequenas, restrita à Serra da Mantiqueira (Minas Gerais). Representa o limite setentrional do gênero no Brasil. As poucas populações conhecidas ocorrem a uma altitude superior a 1.000 m, em locais sombreados, entre o campo e a borda da floresta.

Petunia occidentalis é a única espécie do gênero que não ocorre no Brasil. Com distribuição geográfica disjunta das

demais espécies melitófilas do grupo, ocorre nas serras de baixa altitude do norte da Argentina e do sul da Bolívia. É bastante relacionada ao complexo *integrifolia*.

Segundo compilado por Stehmann (1999), é possível reconhecer dois centros de diversidade para o gênero *Petunia s.s.* O primeiro deles corresponde aos campos altitudinais da borda oriental do planalto catarinense, compreendendo os campos associados à Floresta Ombrófila Mista, em altitudes que variam de 1.000 m a 1.820 m. O outro corresponde aos afloramentos rochosos areníticos da Serra do Sudeste gaúcha.

Os táxons específicos e infraespecíficos de *Petunia s.s.* apresentam sempre uma distribuição geográfica relacionada a uma formação fisionômica característica, porém grandes disjunções não aparecem numa mesma espécie. Três padrões de distribuição podem ser observados: a) espécies com distribuição ampla; b) espécies com distribuição restrita a uma região fisionômica, com poucas ou diversas populações conhecidas; c) espécies com distribuição restrita a uma localidade específica, com uma ou poucas populações conhecidas.

A história evolutiva do gênero: uma abordagem filogenética

Olmstead e Palmer (1992) fizeram uma das primeiras tentativas de entender a filogenia de Solanaceae, constatando, em suas análises, que o gênero *Petunia* é basal em relação aos demais. Combinando essa informação com o fato de a distribuição do grupo ser exclusivamente sul-americana, Stehmann (1999) sugeriu que esse grupo deve ter surgido após o Cretáceo. Análises moleculares desenvolvidas para o gênero, com um enfoque filogenético, realizadas por Kulcheski et al. (2006), encontraram resultados compatíveis com esse período. Lamentavelmente, não existem registros fósseis para o grupo para que tais inferências possam ser avaliadas corretamente.

A história evolutiva do gênero, particularmente a das espécies com corola purpúrea, está provavelmente relacionada à história evolutiva dos grupos polinizadores, especialmente a grupos de abelhas solitárias. A especialização, ou coevolução, ocorrida entre esses grupos pode ter consistido num fator limitante à dispersão das espécies melitófilas. As disjunções geográficas observadas em algumas espécies parecem estar associadas a alterações florísticas ocorridas nos períodos glaciais e interglaciais, intensificadas durante o Pleistoceno. Uma rota migratória secundária mais recente, através do litoral dos estados de Santa Catarina e do Rio Grande do Sul, também pode ser sugerida, por causa do corredor criado pela restinga litorânea.

Mundialmente, dois grupos de pesquisadores estão trabalhando com o objetivo de elucidar as relações evolutivas dentro do gênero, baseados em marcadores moleculares. Um deles é o grupo japonês, que reconhece como válida uma grande quantidade de espécies (ANDO et al., 2005). O outro é o grupo brasileiro, que é mais conservador e aceita algumas sinonimizações (KULCHESKI et al., 2006). Ambos os grupos obtiveram resultados semelhantes quanto à variabilidade genética encontrada dentro dessas espécies e entre elas, a qual é bastante limitada. Dois clados podem ser identificados nas filogenias, um deles corresponde às espécies que crescem em altitudes superiores, a 1.000 m, e, o outro, àquelas que se desenvolvem em altitudes mais baixas. Os clados estão, portanto, relacionadas aos dois centros de diversidade já propostos. As relações internas a esses clados variam, entre os dois trabalhos, de acordo com os marcadores utilizados. Em ambos, porém, a baixa variabilidade genética não permite qualquer conclusão sobre as relações filogenéticas par a par. De qualquer forma, os resultados obtidos também corroboram a idéia de radiação adaptativa para esse gênero. Nos dois trabalhos, fica clara a relação evolutiva entre as espécies de *Petunia s.s.* e de *Calibrachoa*, o que indica que esses dois gêneros são grupos irmãos dentro da família.

Processos de especiação

Trabalhos visando ao esclarecimento dos processos de especiação dentro do gênero *Petunia* estão sendo desenvolvidos no Departamento de Genética da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, em colaboração com o Departamento de Botânica da Universidade Federal de Minas Gerais. Nesses casos, as comparações são feitas entre grupos de espécies, e uma abordagem filogeográfica (AVISE, 2000) tem sido empregada na análise dos resultados obtidos a partir de marcadores moleculares.

De modo geral, as espécies de *Petunia* apresentam baixa variabilidade genética tanto entre indivíduos de uma mesma espécie quanto entre espécies. Essa baixa variabilidade está presente em marcadores nucleares e plastidiais, e é levemente maior nestes que naqueles. Os marcadores mitocondriais, que usualmente são capazes de discriminar espécies de um mesmo gênero, não apresentam qualquer variação entre as espécies de *Petunia* (KULCHESKI et al., 2006).

Entre os marcadores mais utilizados em estudos populacionais de plantas, destacam-se as regiões não codificadoras do DNA plastidial, especialmente as regiões intergênicas, que toleram mutações e evoluem rapidamente sem afetar as funções dos genes adjacentes. A herança uniparental é a forma mais freqüente e uma das vantagens desses marcadores para a avaliação diferencial do fluxo gênico. A análise de marcadores do cpDNA permite identificar híbridos interespecíficos não distinguíveis morfológicamente.

Alguns exemplos de especiação

Petunia integrifolia

O complexo morfológico *Petunia integrifolia* compreende de uma a oito espécies, com igual confusão para as subespécies, dependendo do taxonomista consultado.

As plantas variam bastante quanto a seus caracteres morfológicos, e essa variação pode ser considerada em diferentes níveis taxonômicos, em conformidade com o grau de conservadorismo do autor. Um estudo, envolvendo cinco das seis formas morfológicas encontradas nos estados de Santa Catarina e do Rio Grande do Sul, foi realizado a partir das seqüências de dois espaçadores intergênicos plastidiais. Foram analisados, no total, 70 indivíduos coletados ao longo da distribuição desses grupos morfológicos, e três linhagens evolutivas puderam ser identificadas: uma delas apresentou perfeita correlação com marcadores morfológicos, justificando o status de espécie, enquanto as outras duas foram relacionadas a ambientes específicos, de condições aparentemente limitantes para seu desenvolvimento, não havendo variação morfológica suficiente para justificar mais que subespécies. Assim, um novo tratamento taxonômico está sendo proposto para esse grupo, de forma que as morfologias ocorrentes na região noroeste do Rio Grande do Sul sejam agrupadas sob a nomenclatura de *P. inflata*, e sejam reconhecidas duas subespécies para *P. integrifolia*: *P. integrifolia* subsp. *integrifolia*, associada a ambientes de baixa salinidade localizados na porção central e no oeste do Rio Grande do Sul; e *P. integrifolia* subsp. *depauperata*, associada a ambientes mais salinos, a dunas fósseis ou à segunda linha de dunas do litoral sul-riograndense ou de Santa Catarina.

Espécies da Serra do Sudeste do Rio Grande do Sul

A fitofisionomia da região da Serra do Sudeste, RS, é bastante heterogênea. A maior parte de sua vegetação é classificada como savana parque. A savana parque se caracteriza por apresentar um extrato herbáceo contínuo, com árvores espalhadas ou agrupadas, e por matas de galeria. Essa formação recobre relevos que variam de fortemente ondulados a montanhosos, solos pouco profundos e com afloramentos rochosos. A savana ocupa vasta

distribuição geográfica no Planalto Sul-Rio-Grandense, razão pela qual faz limite com quase todos os tipos de vegetação existentes no estado. Quanto à origem dos campos encontrados nessa área, existem várias teorias discordantes, as quais podem ter como fator determinante o controle exercido pelo solo e a ocorrência de clima geral propício ao desenvolvimento de florestas subtropicais.

Com a colonização humana, a partir de 1800 houve uma intensa alteração da composição vegetal da região, em virtude do pastoreio e da implantação de cultivos agrícolas, e não há registro de áreas com vegetação original. Essa região abriga um número considerável de plantas endêmicas, muitas das quais são de distribuição bastante restrita. Das 104 espécies endêmicas do Rio Grande do Sul, aproximadamente 30 ocorrem na Serra do Sudeste, e, dessas, 10 são exclusivas da região.

Pode-se destacar, nessa região, a ocorrência de duas espécies do gênero *Petunia*, *P. exserta* e *P. secreta*. Juntamente com *P. axillaris*, essas espécies compartilham uma série de características morfológicas, tais como: o tubo da corola longo e hipocrateriforme, hábito ereto ou ascendente, pólen amarelo, folhas basais e apicais com tamanhos e formas diferentes (heterofilia), pedúnculos frutíferos eretos com cápsulas grandes (mais de 9 mm de comprimento) e sementes pequenas (com menos de 0,5 mm de comprimento). Populações de *P. exserta* são encontradas somente em locais onde o gado não consegue alcançar, o que representa uma superfície muito pequena e onde poucos indivíduos podem habitar. Entre as espécies ocorrentes na formação Guaritas, *P. exserta* requer uma atenção especial, uma vez que apresenta as maiores exigências de hábitat, em virtude da necessidade de sombreamento e também pelo fato de já ter sido observada a redução do número de indivíduos, e até mesmo a extinção local de populações por causa do pisoteio e/ou da predação.

Foi desenvolvido um estudo que inclui essas três espécies, cuja finalidade era contribuir para o estabelecimento de programas de proteção à região e às espécies que se encontram em perigo de extinção. Nesse estudo, três marcadores plastidiais foram analisados, e extensivas buscas às plantas foram empenhadas. *Petunia secreta* foi encontrada em uma única localidade, a Pedra do Segredo, em uma população com pequeno número de indivíduos. A análise dos marcadores plastidiais revelou a existência de um único padrão genético nessas seqüências. Já na comparação das quatro populações encontradas de *P. exserta* foi verificado um padrão de introgressão gênica decorrente da hibridação com indivíduos de *P. axillaris*, que está homogeneizando as características genéticas das duas espécies nessa região. Quanto à morfologia, foram encontrados indivíduos claramente híbridos e outros com a morfologia típica de cada espécie. Entre os indivíduos caracteristicamente pertencentes a *P. exserta*, as seqüências do DNA plastidial foram compartilhadas com os indivíduos de *P. axillaris*. Esse estudo sugere o estabelecimento de um programa de preservação dessas espécies, uma vez que as populações apresentam baixa densidade, e a variabilidade genética é muito limitada. As alterações ambientais ocorridas na região propiciaram o contato entre *P. axillaris* e *P. exserta*, o que representa uma ameaça para esta última pela possibilidade de perda de sua identidade genética por meio dos cruzamentos recorrentes. Como mencionado anteriormente, *P. exserta* tem grande potencial para ser incluída em programas de melhoramento, uma vez que possui flores naturalmente vermelhas.

As espécies melitófilas de altitude

Entre as espécies melitófilas do gênero *Petunia*, seis possuem distribuição geográfica restrita aos campos altitudinais associados à floresta com araucária das regiões Sul e Sudeste do Brasil.

As flores das petúnias melitófilas são zigomorfas, possuem tubo da corola infundibuliforme ou campanulado, anteras

inclusas próximas à fauce, estigma próximo das anteras, pólen violáceo e antese diurna. Não exalam odores perceptíveis ao olfato humano e produzem pequenas quantidades de néctar. Além disso, apresentam alguns padrões visuais que ajudam as abelhas visitantes na localização dos recursos florais, como nervuras longitudinais ou venação fortemente reticulada na fauce e coloração mais escura nessa região em comparação àquela do interior do tubo.

Petunia altiplana e *P. bonjardinensis* ocorrem em áreas abertas e expostas diretamente ao sol, ocupam locais alterados com solo desnudo, como barrancos de beira de estradas, e podem ser consideradas espécies pioneiras e colonizadoras. Apesar de ocuparem o mesmo hábitat, essas espécies apresentam distribuições geográficas distintas. *P. altiplana* pode ser encontrada no planalto nordeste do Rio Grande do Sul e no leste do Estado de Santa Catarina; enquanto *P. bonjardinensis* é endêmica de uma pequena região do planalto catarinense, nos arredores do Município de Bom Jardim da Serra.

Ainda no planalto catarinense, *P. reitzii* pode ser encontrada em uma pequena região de campos associados à floresta com araucária, no Município de Bom Retiro. Próximo a essa região, encontra-se a única população de *P. saxicola* conhecida até o momento (entre os municípios de Otacílio Costa e Petrolina), a qual, com certeza, é a mais rara entre as seis espécies. Essa espécie possui um hábitat bem diferente daquele das demais, e os seus indivíduos podem ser encontrados sobre rochas úmidas, em locais parcialmente sombreados.

As populações de *P. scheideana* são encontradas na zona ecotonal, entre campo e floresta, no planalto norte de Santa Catarina e no sul do Paraná. A descrição original de *P. scheideana* é bastante incompleta e foi baseada apenas na análise de uma amostra coletada no nordeste de Santa Catarina. Nesse trabalho, a grande variabilidade no indumento e no comprimento dos ramos e do pedúnculo floral não foi descrita. Diferenças nessas

características provavelmente estão relacionadas à plasticidade fenotípica, determinada pelo nível de sombreamento do local. As populações encontradas próximo do Município de Guarapuava, PR, foram descritas como *P. guarapuavensis* T. Ando & Hashim. Como as características morfológicas que diferenciam *P. scheideana* de *P. guarapuavensis* são vegetativas e altamente sujeitas às condições ambientais, esses nomes são considerados sinônimos dada a falta de caracteres florais para distingui-las.

Petunia mantiqueirensis tem sua ocorrência restrita ao sul de Minas Gerais, na região da Serra da Mantiqueira, onde habita locais parcialmente sombreados entre o campo e a borda da floresta com araucária. Sua morfologia floral é única no gênero e se caracteriza por um tubo da corola longo e estreito, com coloração magenta. É a espécie que apresenta as plantas mais altas, com até 4 m, desde as raízes.

As seis espécies citadas anteriormente são alopátricas, possivelmente resultantes de um processo de diferenciação morfológica ocorrido após o isolamento geográfico. A dinâmica das formações vegetais em que essas espécies ocorrem foi altamente modificada pelas alterações paleoclimáticas ocorridas no Quaternário. É possível que o processo de diversificação do grupo esteja relacionado com esses acontecimentos, os quais provavelmente influenciaram os padrões de fluxo gênico e possibilitaram o surgimento de novidades evolutivas.

Para avaliar a dinâmica evolutiva da diversificação desse grupo, foi desenvolvido um estudo que analisa as seqüências de dois espaçadores intergênicos plastidiais de cerca de 300 indivíduos, coletados em 50 localidades ao longo da distribuição das seis espécies. A maioria das seqüências foi exclusiva de uma espécie, e quatro foram compartilhadas por mais de uma espécie. *P. mantiqueirensis*, *P. reitzii* e *P. saxicola*, com distribuição mais restrita, apresentaram os menores índices de diversidade genética. Nas

espécies *P. altiplana* e *P. scheideana*, a diversidade genética está estruturada geograficamente. Nas seis espécies, a variabilidade interpopulacional é maior que a diversidade entre elas. A análise de diversos parâmetros demográficos e a estruturação da variabilidade das seis espécies são concordantes com a hipótese de diversificação e de expansão populacional recente. Possivelmente, esse padrão está relacionado com as mudanças climáticas ocorridas no Quaternário, já que o hábitat dessas espécies (ilhas de campos cercadas por floresta de araucária) foi fortemente afetado por essas alterações. Durante o último estágio glacial pleistocênico, as áreas de campo tiveram seus limites expandidos para o norte. Posteriormente, a melhoria climática do início do Holoceno favoreceu a expansão da floresta com araucária, e os campos ficaram isolados nas áreas de maior altitude do planalto. Atualmente, o avançado desmatamento das florestas dessas regiões é um processo crítico para a manutenção do isolamento genético entre essas espécies de *Petunia*.

Petúnia-de-jardim

Há, atualmente, cinco classificações para as variedades de petúnias: grandiflora simples, grandiflora dupla, multiflora simples, multiflora dupla e floribunda. Trata-se esta última de um cruzamento entre as multifloras simples e as grandifloras simples, que combina as grandes flores da segunda com o hábito de crescimento robusto da primeira. A propagação é, em geral, por sementes, porém alguns híbridos são propagados comercialmente por estaquia. No mercado nacional, são oferecidas seis variedades, todas elas importadas, quais sejam: Polo, Hurrah, Flash, Bravo, Kahuma e Trailblazer. Essas variedades se diferenciam pelo tamanho das flores e pela coloração da corola. Um número maior de variedades pode ser encontrado nos Estados Unidos, que, embora percam para o Japão o lugar de principal produtor mundial, ganham em número de

variedades comercializadas, a saber: Avalanche Lavender, Avalanche Lilac, Blue Ice, Blue Wave, Dreams Salmon, Dream Pink, Eagle Pastel Pink, Eagle Pink, Fantasy Crystal, Fantasy Pink, Fantasy Carmine, Fantasy Pink Morn, Fantasy Red, Happy Dream, Hurrah White, Hurrah Rose, Oramatica Pink Hot, Surfina Sky Blue, Symphony Pink, Tidal Wave Silver, Ultra Scarlet, Wave Misty Lake, Wave Misty Lilac, Wave Pink, Wave Purple, Wave Rose, entre outras.

Em cultivo, as principais pragas que atacam a petúnia-de-jardim são os tripses, os ácaros, a mosca-branca e alguns outros hemípteros. Já as principais doenças são causadas por fungos filamentosos, que induzem a murcha ou a podridão. Algumas bactérias fitopatogênicas podem, eventualmente, atacar essas plantas, especialmente quando cultivadas em associação com outras espécies.

O melhoramento genético da espécie cultivada tem sido realizado em larga escala, especialmente nos países produtores de sementes. A Inglaterra é um dos principais pólos de melhoramento, bem como o país responsável pelo lançamento de muitas variedades. O melhoramento é baseado principalmente em cruzamentos entre variedades e depende, em grande parte, da produção de sementes, o que, muitas vezes, retarda, ou mesmo dificulta, a produção de novas formas. Alguns híbridos F1, que apresentam características desejáveis, mas formam poucas sementes, podem ser propagados vegetativamente. Como as pragas e as doenças que atacam as petúnias-de-jardim são facilmente controladas com a aplicação de tratamentos químicos, e, geralmente, as plantas são cultivadas em vasos ou floreiras, o que facilita o tratamento e o isolamento dos indivíduos infestados, o melhoramento genético tem por objetivo gerar novas variedades com cores diferentes e aumentar o número de flores. Existe a intenção de tornar as plantas mais duráveis ou mesmo perenes, mas o fato de essas características não serem encontradas em espécies silvestres do grupo é ainda um impedimento para que isso aconteça.

Existe um grande potencial para o melhoramento da espécie cultivada, quando se utilizam as espécies nativas do gênero *Petunia* como fontes de variabilidade genética e de caracteres agronomicamente desejáveis. A necessidade do estabelecimento de programas de proteção às espécies silvestres é premente e pode garantir a manutenção desse vasto patrimônio genético. Investir esforços e recursos financeiros no estudo e na manutenção dessas espécies, bem como direcionar e estabelecer programas de melhoramento que visem à produção autônoma de sementes e de matrizes, uma vez que o País é detentor das tecnologias e das fontes biológicas para tanto, pode contribuir para o crescimento econômico do Brasil.

Referências

- ANDO, T.; KOKUBUN, H.; WATANABE, H.; TANAKA, N.; YUKAWA, T.; HASHIMOTO, G.; MARCHESI, E.; SUÁREZ, E.; BASUALDO, I. L. Phylogenetic analysis of *Petunia sensu* Jussieu (Solanaceae) using chloroplast DNA RFLP. **Annals of Botany**, Oxford, v. 96, p. 289-297, 2005.
- AVISE, J. C. **Phylogeography, the history and formation of species**. London: Harvard University Press, 2000. 447 p.
- FRIES, R. E. Die arten der gattung *Petunia*. **Kungl. Svenska Vetenskapsakademiens Handlingar**, Stockholm, v. 46, p. 1-72, 1911.
- GERATS, T.; VANDENBUSSCHE, M. A model system for comparative research: *Petunia*. **Trends in Plant Science**, Cambridge, v. 10, p. 251-256, 2005.
- KULCHESKI, F. R.; MUSCHNER, V. C.; LORENZ-LEMKE, A. P.; STEHMANN, J. R.; BONATTO, S. L.; SALZANO, F. M.; FREITAS, L. B. Molecular phylogenetic analysis of *Petunia* Juss. (Solanaceae). **Genetica**, Dordrecht, v. 126, p. 3-14, 2006.
- LONGO, D.; LORENZ-LEMKE, A. P.; MUSCHNER, V. C.; STEHMANN, J. R.; BONATTO, S. L.; SALZANO, F. M.; FREITAS, L. B. Phylogeography of the *Petunia integrifolia* complex (Solanaceae): understanding its evolutionary history, implications for taxonomy. **Journal of Biogeography**, Oxford, 2006. No prelo.
- LORENZ-LEMKE, A. P.; MÄDER, G.; MUSCHNER, V. C.; STEHMANN, J. R.; BONATTO, S. L.; SALZANO, F. M.; FREITAS, L. B. Diversity and natural hybridization in a highly endemic species of *Petunia* (Solanaceae): a molecular and ecological analysis. **Molecular Ecology**, Oxford, 2006. No prelo.
- LORENZ-LEMKE, A. P.; TOGNI, P. D.; MÄDER, G.; KRIEDT, R. A.; MUSCHNER, V. C.; STEHMANN, J. R.; BONATTO, S. L.; SALZANO, F. M.; FREITAS, L. B. Phylogeography of *Petunia's* species from Brazilian south and southeast highlands. **Molecular Ecology**, Oxford, 2006. No prelo.
- OLMSTEAD, R. G.; PALMER, J. D. A chloroplast DNA of the Solanaceae: subfamilial relationships and character evolution. **Annals of Missouri Botanical Garden**, St. Louis, v. 79, p. 346-360, 1992.

OLMSTEAD, R. G.; SWEERE, J. A.; SPANGLER, R. E.; BOHS, L.; PALMER, J. D. Phylogeny and provisional classification of the Solanaceae based on chloroplast DNA. In: NEE, M.; SYMON, D. E.; LESTER, R. N.; JESSOP, J. P. (Ed.). **Solanaceae IV**: advances in biology and utilization. Kew: Royal Botanic Gardens: The Linnean Society of London, London, 1999. p. 111-137.

SINK, K. C. *Petunia*. **Monographs in Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 9, p. 3-9, 1984.

STEHMANN, J. R. **Estudos taxonômicos da tribo Nicotianeae G. Don (Solanaceae)**: revisão de *Petunia* Jussieu, das espécies brasileiras de *Calibrachoa* La Llave & Lexarza e o estabelecimento do novo gênero *Petuniopsis* Stehmann & Semir. 1999. 230 f. Tese (Doutorado em Ciências) – Departamento de Botânica, Universidade Estadual de Campinas, Campinas.

WIJSMAN, H. J. W.; JONG, J. H. On the interrelationships of certain species of *Petunia*. IV. Hybridization and nomenclatural consequences in the *Petunia* group. **Acta Botanica Neerlandica**, Amsterdam, v. 34, p. 337-349, 1985.

WIJSMAN, H. J. W.; JONG, J. H.; PEDERSEN, T. M. On the interrelationships of certain species of *Petunia*. III. The position of *P. linearis* and *P. calycina*. **Acta Botanica Neerlandica**, Amsterdam, v. 32, p. 323-332, 1983.

WIJSMAN, H. J. W. On the inter-relationships of certain species of *Petunia* I. Taxonomic notes on the parental species of *Petunia hybrida*. **Acta Botanica Neerlandica**, Amsterdam, v. 31, p. 447-490, 1982.

WIJSMAN, H. J. W. On the inter-relationships of certain species of *Petunia* II. Experimental data: crosses between different taxa. **Acta Botanica Neerlandica**, Amsterdam, v. 32, p. 97-107, 1983.



*P*imentas do
gênero *Capsicum*

Cor, fogo e sabor

Foto: Rosa Lía Barbieri



Pimentas do gênero *Capsicum*

Rosa Lía Barbieri
Raquel Silvana Neitzke

A palavra pimenta é usada indistintamente para designar o condimento picante, derivado de vários tipos de plantas, que pertencem a diferentes famílias e têm origens muito diversas. Isso, invariavelmente, é fonte de confusões que são desfeitas quando se menciona o nome científico da planta a que se quer referir ou, então, a família botânica a que pertence.

Entre tantas plantas conhecidas como pimentas, estão presentes as do gênero *Capsicum* (família Solanaceae), que possuem como traço marcante a presença de capsaicina, responsável por sua pungência característica. Pimenta vermelha, pimenta-de-cheiro e a que, atualmente, é conhecida como pimenta-malagueta, entre muitos outros nomes populares, são os frutos de arbustos de várias espécies desse gênero. Originárias das Américas, essas pimentas se tornaram mundialmente conhecidas após as viagens de Cristóvão Colombo a esse continente, no século 15.

A pimenta-do-reino, conhecida também como pimenta-preta ou pimenta-branca, é o fruto de *Piper nigrum* L. (família

Piperaceae), uma espécie trepadeira nativa da Ásia. Muito valorizada na Antigüidade pelos indianos e egípcios, foi alvo de intenso comércio envolvendo árabes e europeus, que iam até a Índia, por terra ou por mar, para buscá-la. Chegou a ser vendida a peso de ouro na Europa, na época das grandes navegações promovidas por Portugal e Espanha.

Os grãos-do-paráiso, também chamados de malagueta, são frutos de uma espécie africana, *Aframomum melegueta* K. Schum. (família Zingiberaceae). Essa espécie era conhecida pelos povos escravizados que foram trazidos para o Brasil a partir do século 16. Esses povos, ao chegarem aqui, conheceram pimentas do gênero *Capsicum* e, por associação, passaram a chamá-las também de malagueta. O folclorista brasileiro Luís da Câmara Cascudo escreveu:

A nossa malagueta é uma solanácea, e a malagueta africana, derrotada pela brasileira, é uma zingibe-rácea. Bem diversas, não é verdade? Mas a pimenta conterrânea alega usucapião de quatro séculos (CASCUDO, 2004).

A pimenta-rosa, fruto da espécie arbórea *Schinus terebinthifolius* Raddi (família Anacardiaceae), usada há muito menos tempo na gastronomia, é nativa da América tropical. Nos Estados Unidos, foi introduzida e se tornou invasora. Embora ocorra no Brasil, o seu uso na culinária não é tão comum.

No Cerrado brasileiro, há uma espécie arbórea conhecida como pimenta-de-macaco, cujas sementes são escuras e rugosas. Também conhecida como pimenta-de-negro, *Xylopia aromatica* (Lam.) Mart. pertence à família Annonaceae. É usada na culinária regional, e pouco conhecida fora do seu local de origem.

Importância e usos das pimentas do gênero

As plantas de *Capsicum* são arbustos perenes, apesar de serem geralmente cultivadas como plantas herbáceas anuais nas zonas temperadas. A propagação é feita por sementes (HEISER JUNIOR, 1995).

A capsaicina, que confere a pungência aos frutos, é produzida por células glandulares especializadas, localizadas na placenta, além de ser composta por vários alcalóides, cuja quantidade varia de acordo com o tipo de pimenta. Para medir os níveis de “calor” provocados pela pimenta, Wilbur Scoville desenvolveu, em 1912, uma escala amplamente utilizada de avaliação da pungência. De acordo com Bellringer (2001), citado por Borges (2001), no teste original um grupo de voluntários deveria determinar em qual diluição uma solução de determinada pimenta começaria a causar sensação de queima ou ardência na língua. Aproximadamente uma parte por milhão de “calor” é equivalente a 1,5 unidade Scoville. O teste original de Scoville foi substituído por medidas da pungência realizadas por meio de High Performance Liquid Chromatography (HPLC). Até recentemente, a pimenta mais “quente” registrada era a habanero (*C. chinense* Jacq.), com 577 mil unidades Scoville, em contraste com a pimenta jalapeño (*C. annuum* L.), que tem entre 2.500 e 10.000 unidades Scoville, e com o pimentão, que tem pungência de zero unidade Scoville. No entanto, em 2000, foi identificada, na Índia, uma variedade de *C. frutescens* com 855 mil unidades Scoville, o que arrebatou o posto de pimenta mais pungente do mundo, que antes era da pimenta habanero (LINGUANOTTO NETO, 2004). Reifschneider (2000) apresenta a pungência de algumas variedades brasileiras: a pimenta-de-cheiro (*C. chinense*) tem pungência considerada média, de 47.180 unidades Scoville, a pimenta-de-bode (*C. chinense*) tem pungência alta, de 105.500, enquanto a pimenta-malagueta (*C. frutescens* L.) tem pungência muito alta, de 156.730 unidades Scoville.

As sensações de calor e de ardência na boca, causadas pelo consumo de pimenta, são o resultado de estimulação de receptores locais pela capsaicina, que, por sua vez, pode também auxiliar na mediação da dor: uma aplicação prolongada de capsaicina diminui a sensibilidade dos neurônios sensoriais responsáveis pela dor. A capsaicina também estimula a produção de suor, razão pela qual as

pimentas são mais populares em climas secos e quentes. Além disso, estimula a ação dos músculos do estômago e do intestino, melhorando a digestão (BORGES, 2001).

As aves não sentem a pungência e se alimentam fartamente dos frutos. As sementes passam através de seu trato digestivo e são disseminadas, a ponto de, na África, terem se tornado subespontâneas (BOSLAND; VOTAVA, 2000). Em Turuçu, um município gaúcho que produz pimenta calabresa a partir dos frutos de pimenta-dedo-de-moça (*Capsicum baccatum* L.), os agricultores costumam secar os frutos, depois de moê-los, sobre terraços de cimento. É comum observar galinhas se alimentando calmamente da pimenta posta a secar, e também a presença de quero-queros e de outras aves silvestres ciscando no meio das pimentas e delas se alimentando.

Uma explicação evolutiva para a pungência das pimentas é a possibilidade de a capsaicina ter sido desenvolvida pelas plantas como uma forma de evitar seu consumo pelos animais cujo sistema digestivo poderia destruir as sementes da pimenta, como os mamíferos, e, ao mesmo tempo, permitir seu consumo por animais dispersores das sementes, como os pássaros (BORGES, 2001).

Os frutos de pimenta podem ser consumidos frescos ou desidratados, como condimento. Pelo volume de produção, os produtos obtidos das pimentas do gênero *Capsicum*, pungentes ou não pungentes, representam uma das mais importantes commodities de condimentos no mundo. Eles adicionam sabor e cor aos alimentos, ao mesmo tempo em que fornecem vitaminas e minerais essenciais. Há uma ampla variedade de produtos que contêm pimenta, entre os quais alimentos étnicos, pratos à base de carnes, molhos para salada, maioneses, derivados de leite, bebidas, doces e molhos picantes. Extratos de pimenta são usados em produtos cosméticos e farmacêuticos. Além do uso na alimentação, como condimento e medicinal, as pimentas também têm uso ornamental quando cultivadas em jardins ou em vasos (BOSLAND; VOTAVA, 2000). De acordo com

Andrews (1984), citado por Borges (2001), além de usá-las como condimento na alimentação, os povos pré-colombianos as utilizavam para fins medicinais, e, de certa forma, para punir as crianças (por meio da inalação da fumaça resultante da queima de frutos picantes) e, ainda, como arma de guerra. Ainda hoje a pimenta é usada como artefato bélico, e a capsaicina é o principal elemento utilizado no spray de pimenta, que, ao ser acionado, libera um gás com alta concentração de capsaicina, o qual provoca fortes reações nas pessoas atingidas e causa irritação nas mucosas dos olhos, da boca e nas vias aéreas superiores. Esse spray é bastante utilizado em defesa pessoal, e por policiais e militares na contenção de tumultos e distúrbios civis.

Os frutos são boas fontes de vitaminas, particularmente de ácido ascórbico – nos tipos doces, consumidos crus – e de vitamina A – nos tipos pungentes secos – (HEISER JUNIOR, 1995). A vitamina E também está presente em altas concentrações em vários tipos de pimenta. Com ação antioxidante, esses compostos atuam na proteção contra o câncer. O consumo de pimentas estimula o fluxo de saliva e a produção de sucos gástricos, auxiliando assim a digestão. De acordo com o conhecimento popular, as pimentas aumentam a temperatura corporal, aliviam dores, estimulam a digestão, melhoram a aparência da pele, fazem passar a embriaguez, curam a ressaca e aumentam a paixão (BOSLAND; VOTAVA, 2000).

As pimentas são amplamente usadas na medicina natural. Cremes analgésicos produzidos à base de capsaicina são usados para aliviar dores musculares. Um popular emplastro (curativo poroso em tecido de algodão perfurado, tingido e engomado, recoberto em uma das faces com adesivo e usado para alívio das dores reumáticas, nevrálgicas e musculares), usado desde há muitos anos, tem como ingrediente ativo o pó de pimenta vermelha. Reifschneider (2000) relata que, no interior do Brasil, cataplasmas de pimenta eram aplicados com o objetivo de recobrir os sentidos dos enfermos.

Câmara Cascudo, em seu livro *História da alimentação no Brasil*, ressalta que:

[...] o condimento incomparável para o brasileiro é a pimenta, a pimentinha, companheira sem rival, transformando o peixe cozido em obra-prima, ressaltando os valores sápidos de todas as iguarias, aceleradora digestiva, masculinizando o sabor.

Cita, ainda, uma frase de Jean Baptiste Debret, pintor e escritor francês que esteve no Brasil no início do século 19: “A malagueta esmagada simplesmente no vinagre, é o prato permanente e de rigor para o brasileiro de todas as classes” (CASCUDO, 2004).

Alexander von Humboldt, um botânico que percorreu o Brasil no início do século 19, observou que “as pimentas eram tão necessariamente indispensáveis para os nativos como o sal para os brancos” (REIFSCHNEIDER, 2000).

O gênero *Capsicum* e as espécies domesticadas

O gênero *Capsicum* abrange cerca de 25 a 30 espécies, 5 das quais são domesticadas: *C. annuum*, *C. baccatum*, *C. frutescens*, *C. chinense* e *C. pubescens* Ruiz & Pav. (HEISER JUNIOR, 1995). As diferentes espécies e variedades de pimentas podem ser discriminadas por características morfológicas, visualizadas nas flores, principalmente, e também nos frutos (CARVALHO et al., 2003).

A espécie mais amplamente cultivada, e de maior importância econômica atualmente, é *C. annuum*. Inclui as pimentas doces e a maior parte das pimentas que são secadas para preparar pimenta em pó e páprica. As formas domesticadas são classificadas como *C. annuum* var. *annuum* e as silvestres como *C. annuum* var. *glabriusculum*. Esta última ocorre desde o sul dos Estados Unidos até o norte da América do Sul. Várias evidências indicam que a

domesticação ocorreu inicialmente na América Central (HEISER JUNIOR, 1995). A espécie se caracteriza por possuir anteras azuladas ou violetas, e corolas brancas, e por apresentar geralmente uma flor por nó reprodutivo (CARVALHO et al., 2003). É a espécie de *Capsicum* que apresenta a mais ampla variação de tamanho, cor e formato de frutos (HERNÁNDEZ-VERDUGO et al., 2001), o que explica tantos tipos conhecidos de pimenta como jalapeño, serrano, pimenta-doce, cayenne, cereja e, ainda, algumas variedades ornamentais.

C. baccatum é pouco cultivado fora da América do Sul. As formas cultivadas são classificadas como *C. baccatum* var. *pendulum*, e as formas silvestres, como *C. baccatum* var. *baccatum*. A variedade silvestre está confinada à Bolívia e arredores, e é provável que o seu cultivo tenha se iniciado em algum ponto dessa área. Essa espécie é facilmente identificável por causa das manchas amareladas ou esverdeadas presentes na corola (HEISER JUNIOR, 1995). *C. baccatum* possui grande variedade de tipos de frutos, dos quais os mais conhecidos são: dedo-de-moça ou pimenta vermelha, chapéu-de-frade, cambuci e cumari.

C. frutescens tem ampla distribuição como planta silvestre, invasora ou semidomesticada, nas terras baixas da América tropical e, secundariamente, no sudeste da Ásia. A cultivar Tabasco é o único membro dessa espécie comumente cultivado fora dos trópicos. A espécie é caracterizada por apresentar corolas branco-esverdeadas, com duas ou mais flores por nó reprodutivo (HEISER JUNIOR, 1995). Os frutos são pequenos e cônicos (de 2 cm a 3 cm de comprimento) e extremamente pungentes (VAUGHAN; GEISSLER, 1997). No Brasil, uma das pimentas mais conhecidas e produzidas é a malagueta, muito cultivada na Zona da Mata Mineira (CARVALHO et al., 2003), destinada tanto para consumo in natura quanto para a fabricação de molhos e de conservas. Mundialmente famoso, o molho Tabasco, cuja patente foi registrada nos Estados Unidos em 1870, é feito com pimentas dessa espécie, que são maceradas, salgadas e fermentadas em

barris, nos quais permanecem por até 3 anos. Depois disso, sua massa é drenada e temperada. Em virtude do grande crescimento do consumo desse produto, há plantações de tabasco no México, na Colômbia e no Brasil, especificamente no Estado do Ceará (LINGUANOTTO NETO, 2004).

Amplamente distribuída na América tropical, *C. chinense* é a espécie mais cultivada na Região Amazônica. Apresenta duas ou mais flores por nó reprodutivo e se diferencia de *C. frutescens* pela presença de uma constrição anelar presente no cálice dos frutos (CARVALHO et al., 2003). Em termos evolutivos, *C. chinense* e *C. frutescens* são muito próximas (HEISER JUNIOR, 1995). Os frutos de *C. chinense* têm aroma característico, que é muito diferente daquele das demais espécies de pimenta domesticada. Os tipos de pimenta mais conhecidos dessa espécie são habanero, pimenta-de-cheiro, murupi, pimenta-de-bico, pimenta-de-bode e cumari-do-pará.

C. pubescens, conhecido como “rocoto”, é uma espécie típica de altitudes e ocorre nos Andes. Também é cultivada em poucos locais com elevada altitude no México e na América Central, mas sua entrada pode ter sido posterior a Colombo. É a única espécie domesticada do gênero, em que não há registros de cultivo no Brasil. Não é conhecida nenhuma forma ancestral silvestre, mas *C. pubescens* mostra afinidades com as seguintes espécies silvestres da América do Sul: *C. eximium* Hunz., *C. cardenasii* Heiser & P. G. Sm. e *C. tovari* Eshbaugh, Smith & Nickrent. *Capsicum pubescens* é morfologicamente a mais distinta das espécies cultivadas, em virtude de diversas características, entre as quais estão incluídas as sementes escuras e enrugadas (as outras espécie têm sementes cor de palha, mais ou menos lisas), corolas púrpuras e folhas rugosas (HEISER JUNIOR, 1995).

As espécies semidomesticadas e silvestres estão restritas à região andina e à região litorânea brasileira. O maior número de espécies está no Brasil, principalmente na

Região Sudeste e nas regiões da Mata Atlântica (REIFSCHNEIDER, 2000). Bianchetti (1996), explorando a morfologia e a ecologia das espécies brasileiras, indicou resultados distintos daqueles encontrados para espécies andinas. A maioria das espécies andinas vegeta em ambientes abertos e secos; apresenta frutos eretos, ovalados, vermelhos, com sementes claras e dispersadas por pássaros; em contraste com a maioria das espécies brasileiras que ocorre em ambientes fechados e úmidos, tem frutos pendentes, globosos, verde-amarelados, sementes escuras e, provavelmente, não é dispersa por pássaros, e sim por outro dispersor (BIANCHETTI; CARVALHO, 2005). Resultados como esses sugerem que as espécies silvestres brasileiras não só são muito diferentes das andinas como também não apresentam qualquer indicativo que permita o estabelecimento de relação próxima de ancestralidade (REIFSCHNEIDER, 2000).

Citogenética e reprodução

Quase todas as espécies são diplóides, com $2n=2x=24$. Em *C. annuum*, são conhecidas formas tetraplóides e hexaplóides. É possível obter híbridos interespecíficos de *C. baccatum*, *C. annuum*, *C. frutescens* e *C. chinense* em todas as combinações, os quais mostram graus variados de fertilidade. *C. pubescens* parece ser bem isolado geneticamente das outras espécies cultivadas, apesar de híbridos terem sido assegurados com *C. frutescens*, por meio de cultura de embriões (PICKERSGILL, 1988 citado por HEISER JUNIOR, 1995). Foram produzidos vários híbridos entre espécies silvestres e cultivadas. Todas as espécies cultivadas são autocompatíveis, e a autofecundação parece ser a regra geral. Todavia, a polinização cruzada pode ser facilitada tanto por alterações na morfologia da flor como pela presença de insetos polinizadores (REIFSCHNEIDER, 2000). Algumas espécies silvestres, no entanto, têm sido descritas como auto-incompatíveis, e outras têm longos estiletos que pro-

movem a fecundação cruzada. As aves são, provavelmente, os principais agentes dispersores de sementes das espécies silvestres (HEISER JUNIOR, 1995). Isso ocorre também com algumas pimentas semidomesticadas, como é o caso de *Capsicum baccatum* var. *baccatum*, que recebe a denominação popular de pimenta-de-passarinho, por causa da observação popular desse modo de dispersão.

A domesticação e a viagem das pimentas das Américas para o mundo

Antes da chegada de Colombo às Américas, pimentas do gênero *Capsicum* eram amplamente usadas nas Américas Central e do Sul, na área do Caribe e no México. Os registros mais antigos do cultivo de pimenta são encontrados em sítios arqueológicos localizados em Tehuacán, no México, e datam de cerca de 9 mil anos. Outros registros arqueológicos, datados de 2500 a.C., foram encontrados em Ancon e Huaca Prieta, no Peru (REIFSCHNEIDER, 2000). Microfósseis de amido derivados de frutos de pimenta, datando desde 6 mil anos atrás até o período de contato com os colonizadores europeus, foram avaliados por Perry et al. (2007). As associações de grãos de amido encontradas em sete locais distintos, compreendidos entre as Bahamas e o sul do Peru, demonstraram que o cultivo de milho e de pimenta ocorria consorciado e formava um complexo alimentar antigo e amplamente disseminado nos neotrópicos (região que compreende desde o sul dos Estados Unidos até a região central da Argentina e do Chile), antecedendo até mesmo o desenvolvimento da cerâmica em algumas regiões.

Para Heiser Junior (1995), o cultivo de *Capsicum* se iniciou de forma independente em diversas áreas, tendo como base diferentes espécies silvestres. Conforme Eshbaugh (1993) e Pickersgill (1984), citados por Perry et al. (2007), uma combinação de evidências arqueológicas, de análises

genéticas e de distribuição moderna das plantas leva a crer que *C. annuum* tenha sido domesticado inicialmente no México ou no norte da América Central; *C. frutescens*, no Caribe; *C. baccatum*, nas planícies da Bolívia; *C. chinense*, nos planaltos do norte da Amazônia; e *C. pubescens*, em locais de altitudes médias do sul dos Andes.

O complexo *C. annuum*–*C. chinense*–*C. frutescens* foi domesticado pelo menos duas vezes, de forma independente (HARLAN, 1992). A domesticação resultou em mudanças, particularmente, nos frutos. Os frutos vermelhos, pequenos, eretos e decíduos, do tipo silvestre, foram substituídos por frutos maiores, geralmente pendentes, não decíduos e com uma ampla variedade de cores além da vermelha. Tipos doces também eram conhecidos, mas apenas recentemente eles assumiram maior importância. Aparentemente, a domesticação resultou também em uma mudança no modo de reprodução, passando de fecundação cruzada para autofecundação (HEISER JUNIOR, 1995).

No Brasil, na época da chegada dos europeus, o cultivo de pimentas era prática comum entre os indígenas. Diferentes tipos eram cultivados, e é possível supor que as diversas tribos cultivavam, colhiam os frutos e realizavam a sua própria seleção das pimentas (RUFINO; PENTEADO, 2006).

Interessantes relatos sobre as pimentas cultivadas pelos índios no Brasil, no século 16, foram feitos pelo alemão Hans Staden. Após o naufrágio do navio em que viajava, foi aprisionado pelos índios brasileiros no litoral fluminense, vivendo entre os tupinambás de 1547 a 1555. Relatou suas aventuras e o dia-a-dia dos indígenas com os quais conviveu, em um livro publicado na Alemanha em 1557. Descreveu as pimentas “que os selvagens plantam para comer”, uma amarela e outra vermelha, comparando seus frutos, quando verdes, aos frutos da roseira de espinhos. Os índios as colhiam quando maduras e as secavam ao sol. Registrou também a maneira pela qual usavam as

pimentas com fins bélicos: para expulsar os inimigos, faziam grandes fogueiras e, quando o vento soprava, colocavam ali grandes porções de pimenta. A fumaça produzida atingia as cabanas e obrigava os adversários a fugirem. Seus relatos descrevem o comércio dos índios com os franceses, cujos navios aportavam na costa brasileira em busca de produtos locais. Além do cobiçado pau-brasil, os franceses levavam pimentas, macacos e papagaios, dando, em troca, facas, machados, pentes, guizos, anzóis, “pano ordinário” e espelhos para os índios (STADEN, 1930).

As pimentas eram plantas muito valorizadas entre os indígenas, geralmente ficando em segundo lugar apenas quando comparadas aos principais produtos: o milho e a mandioca. Desempenhavam também um importante papel nas cerimônias religiosas e nos mitos (HEISER JUNIOR, 1995). Frutos de *Capsicum* eram usados pelos astecas para condimentar uma bebida à base de sementes de cacau, o *tchocoatl*, precursor do chocolate (LINGUANOTTO NETO, 2004).

Quando retornou de sua primeira viagem às Américas, em 1492, Colombo levou esse tipo de pimenta para a Europa. Lá ela se disseminou rapidamente para a África e para a Ásia, através das rotas de comércio dos portugueses e espanhóis. Como condimento, gradualmente se tornou mais importante do que a pimenta-do-reino (*Piper nigrum*) no Oriente, o que consistiu numa grande mudança no mercado (VAUGHAN; GEISLER, 1997).

Os incas chamavam essas plantas de *aji*, mas os colonizadores espanhóis acharam que os frutos tinham um efeito muito parecido com o da pimenta-do-reino, por isso mudaram o nome de *aji* para *pimientos*. Mais tarde, a pimenta passou a ser conhecida na Europa também como *chili*, seu nome asteca (HAYS; HAYS, 1973).

O primeiro registro das pimentas, feito pelos europeus, aparece em uma carta escrita por Pedro Martir, em 1493,

na qual ele relatou que Cristóvão Colombo encontrou uma planta, de cujos frutos os nativos faziam grande consumo, que era picante como a pimenta do Cáucaso (*Piper nigrum*) (HEISER JUNIOR, 1995). Na Europa, inicialmente o primeiro impacto que as plantas causaram foi pela estética de seus frutos: as pessoas se encantaram com as cores e os formatos e passaram a cultivar *Capsicum* como planta ornamental. Após poucas décadas, no entanto, a utilidade dos frutos na culinária foi reconhecida, e seu cultivo se disseminou pela região mediterrânea (SWAHN, 1997). As “novas” pimentas se disseminaram muito rapidamente através das rotas de especiarias da Europa para a África, a Índia, a China e o Japão. O novo condimento, diferentemente do que aconteceu com a maior parte das plantas introduzidas das Américas, foi incorporado quase que instantaneamente na culinária de diversos países da Europa, da África e da Ásia (BOSLAND; VOTAVA, 2000). Mesmo no Oriente, a terra das especiarias, onde parecia difícil ser aceita nova substância picante, *Capsicum* atingiu uma grande difusão. Era chamada de “pimenta dos pobres”, por ser incomparavelmente mais barata e ter o sabor ardente e picante que se assemelhava ao da pimenta-do-reino (FERRÃO, 1993).

Na Hungria, com *Capsicum annuum* foi desenvolvida a páprica, um pó de sabor ligeiramente acre, que se emprega como condimento feito a partir de pimentão. A páprica foi fundamental para a descoberta do ácido ascórbico, a vitamina C, o que conferiu o Prêmio Nobel ao cientista húngaro Albert von Szent-Györgyi, em 1937 (BOSLAND; VOTAVA, 2000).

Há alguns casos curiosos que ilustram como a pimenta das Américas foi incorporada à cultura de povos de outras partes do mundo. Na África, alguns povos nativos preparam uma poção de pimentas, com a qual buscam obter eterna juventude. Para se tornarem mais atraentes, as mulheres adicionam pitadas de pó de pimenta à água do banho. Na Índia e na China, as pimentas do gênero

Capsicum começaram a dominar a cozinha e se tornaram o principal condimento da região. Lá as pimentas rapidamente se tornaram fundamentais para a culinária, de tal maneira que os taxonomistas, em 1700, deduziram (por engano) que a China era o local de origem das espécies de *Capsicum* (BOSLAND; VOTAVA, 2000).

A China lidera a produção mundial, e a Espanha é o maior produtor da Europa. As pimentas continuam a ter grande importância nas Américas, onde a maior parte do que é cultivado é consumido in loco, apesar de o México ser um grande exportador do produto (HEISER JUNIOR, 1995).

Melhoramento e recursos genéticos

As pimentas e pimentões do gênero *Capsicum* estão intimamente relacionados à riqueza cultural brasileira, são parte valiosa do patrimônio da biodiversidade, e são cultivados em uma imensa variedade de tipos, tamanhos, cores, sabores e pungências. O gênero possui uma grande diversidade genética que pode ser útil tanto para programas de melhoramento quanto para o uso imediato (PEREIRA; RODRIGUES, 2005). No Brasil, o cultivo de pimentas ocorre praticamente em todas as regiões, e tem como principais produtores os estados de Minas Gerais, de Goiás, de São Paulo, do Ceará e do Rio Grande do Sul (MADAIL et al., 2005). Existe uma imensa variação fenotípica para formato, tamanho, cor e sabor de fruto, e também para pungência e arquitetura de planta. Essa variação se reflete também em sua composição nutricional (BOSLAND; VOTAVA, 2000).

A espécie mais relevante no gênero, e mais difundida no Brasil, é *C. annuum*. Dentro dessa espécie, o pimentão é o tipo mais significativo, pois está entre as dez hortaliças mais importantes no mercado brasileiro (CARVALHO et al., 2003). No Brasil, os tipos de pimenta mais comuns e cultivados são: a malagueta (*C. frutescens*); a pimenta-de-

cheiro; a pimenta-de-bode; a cumari-do-pará (*C. chinense*); a dedo-de-moça; a chifre-de-veado e a cambuci (*C. baccatum*) (HENZ; COSTA, 2005).

O melhoramento de *Capsicum* no Brasil é realizado tanto por empresas públicas quanto privadas (WAGNER, 2003). A maior parte dos programas visa obter cultivares de pimentão (*C. annuum*), e são poucos os programas nacionais de melhoramento de pimentas pungentes. Em geral, são feitas seleções para produtividade, baixa persistência do pedúnculo na planta (para facilitar a colheita), arquitetura da planta, precocidade e resistência a doenças. Os principais métodos de melhoramento utilizados no desenvolvimento de cultivares de pimenta e pimentão são: o método genealógico, o descendente de uma única semente, o retrocruzamento, a seleção recorrente e a produção de híbridos (REIFSCHNEIDER, 2000).

O Brasil é um importante centro secundário de espécies domesticadas de *Capsicum*, podendo ser observada considerável variabilidade em *C. annuum* var. *annuum*, *C. baccatum* var. *pendulum*, *C. frutescens* e *C. chinense* (REIFSCHNEIDER, 2000). A existência de diversidade genética é a condição fundamental para a obtenção de progresso genético. O desenvolvimento de novas cultivares depende do conhecimento, da preservação e do uso dos recursos genéticos do gênero (REIFSCHNEIDER, 2000). As atividades relacionadas aos recursos genéticos (coleta, caracterização, documentação e conservação) assumem fundamental importância para otimizar o uso imediato desses recursos, e são também essenciais em programas de melhoramento (CARVALHO et al., 2003). É remota a possibilidade de utilização de espécies silvestres de *Capsicum* em programas de melhoramento, pois existe ampla variabilidade genética nas espécies domesticadas, o que facilita a realização de cruzamentos interespecíficos (WAGNER, 2003).

No Brasil, os principais bancos ativos de germoplasma que conservam os recursos genéticos de *Capsicum* são mantidos

pelas seguintes instituições: Embrapa Hortaliças (Brasília, DF), Embrapa Clima Temperado (Pelotas, RS), Embrapa Amazônia Ocidental (Belém, PA), Universidade Federal de Viçosa (Viçosa, MG) e Instituto Agrônomo de Campinas (Campinas, SP).

O mercado para pimentas no Brasil está sofrendo grandes modificações, por causa da exploração de novos tipos de pimentas e do desenvolvimento de produtos com grande valor agregado, como, por exemplo, das conservas ornamentais, geléias exóticas, chocolates com pimenta e outras formas processadas (RUFINO; PENTEADO, 2006).

Referências

- BIANCHETTI, L.; CARVALHO, S. I. C. Subsídios à coleta de germoplasma de pimentas e pimentões do gênero *Capsicum* (Solanaceae). In: WALTER, B. M. T; CAVALCANTI, T. B. (Ed.). **Fundamentos para coleta de germoplasma vegetal**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2005. p. 355-385.
- BORGES, R. M. Why are chillies pungent? **Journal of Biosciences**, Bangalore, v. 26, n. 3, p. 289-291, 2001.
- BOSLAND, P. W.; VOTAVA, E. J. **Peppers: vegetable and spice capsicums**. Wallingford: CAB International, 2000. 204 p.
- CARVALHO, S. I. C.; BIANCHETTI, L. B.; BUSTAMANTE, P. G.; SILVA, D. B. **Catálogo de germoplasma de pimentas e pimentões (*Capsicum* spp.) da Embrapa Hortaliças**. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2003. 49 p. (Embrapa Hortaliças. Documentos, 49).
- CASCUDO, L. C. **História da alimentação no Brasil**. 3. ed. São Paulo: Global, 2004. 954 p.
- FERRÃO, J. E. M. **A aventura das plantas e os descobrimentos portugueses**. Lisboa: Instituto de Investigação Científica Tropical: Comissão para as Comemorações dos Descobrimientos Portugueses: Fundação Berardo, 1993. 248 p.
- HARLAN, C. R. **Crops and man**. Madison: American Society of Agronomy, 1992. 284 p.
- HAYS, W. P.; HAYS, R. V. **Foods the Indians gave us**. New York: Ives Washburn, 1973. 125 p.
- HEISER JUNIOR, C. B. Peppers – *Capsicum* (Solanaceae). In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. **Evolution of crop plants**. London: Longman, 1995. p. 449-451.
- HENZ, G. P.; COSTA, C. S. R. Como produzir pimenta. **Cultivar: hortaliças e frutas**, Pelotas, v. 33, p. 2-7, 2005.
- HERNÁNDEZ-VERDUGO, S.; LUNA-REYES, R.; OYAMA, K. Genetic structure and differentiation of wild and domesticated populations of *Capsicum annuum* (Solanaceae) from Mexico. **Plant Systematics and Evolution**, Vienna, v. 226, p. 129-142, 2001.
- LINGUANOTTO NETO, N. **Dicionário gastronômico: pimentas**. São Paulo: Boccato, 2004. 164 p.

MADAIL, J. C. M.; SCHNEID, L. F.; SIMA, L.F.; WEDT, A. N. **Economia da produção de pimenta vermelha no município de Turuçu-RS**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2005. 27 p. (Embrapa Clima Temperado. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 19).

PELT, J. **Especiarias e ervas aromáticas: história, botânica e culinária**. Rio de Janeiro: J. Zahar, 2003. 223 p.

PEREIRA, T. N. S.; RODRIGUES, R. Recursos genéticos em *Capsicum*: situação atual e perspectivas. In: LIMA, M. C. (Org). **Recursos genéticos de hortaliças: riquezas naturais**. São Luís: Instituto Interamericano de Cooperação para a Agricultura, 2005. p. 137-159.

PERRY, L.; DICKAU, R.; ZARRILLO, S.; HOLST, I.; PEARSALL, D. M.; PIPERNO, D. R.; BERMAN, M. J.; COOKE, R. G.; RADEMAKER, K.; RANERE, A. J.; RAYMOND, J. S.; SANDWEISS, D. H.; SCARAMELLI, F.; TARBLE, K.; ZEIDLER, J. A. Starch fossils and the domestication and dispersal of chili peppers (*Capsicum* spp. L.) in the Americas. **Science**, Washington, v. 315, p. 986-988, 2007.

REIFSCHNEIDER, F. J. B. (Org.). ***Capsicum*: pimentas e pimentões no Brasil**. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia: Embrapa Hortaliças, 2000. 113 p.

RUFINO, J. L. S.; PENTEADO, D. C. S. Importância econômica, perspectivas e potencialidades do mercado para pimenta. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 27, n. 235, p. 7-15, 2006.

STADEN, H. **Viagem ao Brasil**. Rio de Janeiro: Oficina Industrial Graphica, 1930. 184 p. Disponível em: <http://purl.pt/151/3/hg-16656-v_PDF/hg-16656-v_PDF_0X-X-R0072/hg-16656-v_0000_rosto-189_t0X-X-R0072.pdf>. Acesso em: 4 jun. 2007.

SWAHN, J. O. **The lore of spices: their history, nature and uses around the world**. New York: Barnes & Noble, 1997. 208 p.

VAUGHAN, J. G.; GEISSLER, C. A. **The new Oxford book of food plants**. New York: Oxford University, 1997. 239 p.

WAGNER, C. M. **Variabilidade e base genética da pungência e de caracteres de fruto: implicações no melhoramento de uma população de *Capsicum annuum* L.** 2003. 104 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.



Rosas

História que antecede a humanidade

Foto: Marilda Pereira Porto



Rosas

Elisabeth Regina Tempel Stumpf

Desde a Antigüidade, as rosas são utilizadas com os mais diversos fins: como ornamento, na culinária, como planta medicinal e aromática, ou como símbolo heráldico, político e religioso (ÁLVAREZ, 2005). Na horticultura ornamental, o gênero *Rosa* L. é um dos mais importantes, seja em termos econômicos, seja por seu envolvimento com a cultura e a história da humanidade (RITZ et al., 2005).

Sobre o gênero *Rosa*

Rosaceae, uma das maiores famílias de dicotiledôneas, possui cerca de 100 gêneros e perto de 3 mil espécies de ampla dispersão no Hemisfério Norte (JOLY, 1998). Compreende 4 subfamílias (Rosoideae, Prunoideae, Spiraeoideae e Maloideae) e de 8 a 18 tribos. É considerada de difícil definição em virtude da grande diversidade morfológica que exhibe; no entanto, análises da seqüência

de DNA demonstraram que a família é monofilética (DICKINSON et al., 2002), com todas as espécies derivando de um ancestral comum.

Representantes de Rosaceae são utilizados pela qualidade de sua madeira, pela possibilidade de extrair tanino de seus ramos e raízes, pelo uso das folhas jovens em chás ou para fins medicinais (CUIZHI et al., 2003). A maior importância econômica da família, no entanto, é para a fruticultura, representada pelos gêneros *Malus*, *Pyrus*, *Prunus*, *Fragaria* e *Rubus*, e para a floricultura, pelos gêneros *Rosa*, *Crataegus*, *Spiraea* e *Prunus* (REITZ, 1996; JOLY, 1998).

A taxonomia tradicional divide o gênero *Rosa* L. em quatro subgêneros: *Hulthemia*, *Platyrhodon* e *Hesperhodos*, com uma a três espécies cada (MEYNET, 2001; MA et al., 1997), e *Rosa* (sin. subgen. *Eurosa*), com os demais 95 % das espécies (RITZ et al., 2005).

O subgênero *Hulthemia* é representado apenas pela espécie diplóide *Rosa persica* Michx. ex Juss syn. *Hulthemia persica* (Michx.) Bornm., *R. berberifolia* Pall. (HOOG, 2001; MEYNET, 2001; TARBOURIECH, 2001), distribuída em uma grande área subdesértica da Ásia Central. Considerada uma forma primitiva de roseira, tem como principal característica o fato de possuir folhas simples e sem estípulas (MEYNET, 2001) e flores também simples, de coloração amarela (HINZ; SCHULZ, 2002).

O subgênero *Platyrhodon* abriga somente a espécie *Rosa roxburghii* Tratt, igualmente diplóide (HOOG, 2001; MEYNET, 2001; TARBOURIECH, 2001), que ocorre desde o sul do Laos até a Ilha de Hokkaido, no Japão (MEYNET, 2001). Possui grandes flores branco-rosadas e frutos cobertos por espinhos (TARBOURIECH, 2001).

O subgênero *Hesperhodos* tem como principal representante a espécie *Rosa stellata* Woot., natural da costa do Pacífico Sul, nos Estados Unidos (MEYNET, 2001). Possui folhas com três folíolos recortados e frutos pilosos (TARBOURIECH, 2001).

O subgênero *Rosa*, por sua vez, é dividido em 10 seções – Fig. 1 – (MEYNET, 2001, TARBOURIECH, 2001; WISSERMANN; RITZ, 2005). O número exato de espécies de *Rosa* é motivo de controvérsia desde a época de Linnaeus (STARR; BRUNEAU, 2002). Alguns autores consideram que existem 120 (HOOG, 2001; MEYNET, 2001; CHANNELIÈRE et al., 2002), 126 (TARBOURIECH, 2001) ou 150 espécies (STARR; BRUNEAU, 2002), enquanto outros falam em até 200 (FONTANA, 1997; MA et al., 1997; CUIZHI; ROBERTSON, 2003). As seções *Caninae* e *Cinnamomeae* são as maiores, com cerca de 50 e 80 espécies, respectivamente (UGGLA, 2004). De qualquer modo, cerca de 8 espécies de rosas-silvestres (Fig. 1, entre parênteses) deram origem às variedades modernas (HOOG, 2001).

Família Rosaceae

Subfamília Rosoideae

Gênero *Rosa*

Subgênero *Rosa* (sin. subgen. *Eurosa*)

Seções

Banksianae

Bracteatae

Caninae

Carolinae

Chinensis (*Rosa chinensis*, *Rosa gigantea*)

Cinnamomeae

Gallicanae (*Rosa gallica*, *Rosa damascena*)

Laevigatae

Pimpinellifoliae (*Rosa foetida*)

Stylyae (*Rosa multiflora*, *Rosa wichuraiana*, *Rosa moschata*)

Fig. 1. Posição taxonômica do gênero *Rosa*, e principais espécies envolvidas no desenvolvimento das variedades modernas.

Fonte: Hoog (2001).

Como são as roseiras

As roseiras são arbustos lenhosos (HOOG, 2001) que se desenvolvem melhor em temperaturas que variam de 17 °C a 25 °C, e perdem suas folhas quando submetidos a temperaturas inferiores a 12 °C (SALINGER, 1985). As plantas podem ser eretas, reptantes ou trepadeiras (Barbosa, 2003) e, geralmente, apresentam acúleos (ÁLVAREZ, 2005). As folhas, estipuladas e dispostas de forma alternada, são compostas de três a cinco folíolos com bordos serrilhados, terminando em apenas um folíolo – imparipenadas – (HINZ; SHULZ, 2002; MEYER, 1974; ÁLVAREZ, 2005).

São plantas neutras, que não respondem ao estímulo fotoperiódico para diferenciação das gemas vegetativas em reprodutivas, ainda que a redução da temperatura, da intensidade luminosa e do comprimento do dia provoque queda na produção e na qualidade das flores (SANTOS et al. 2001). Por essa razão, a maior parte das espécies floresce no verão e na primavera (HOOG, 2001).

As flores hermafroditas possuem numerosos estames e podem aparecer isoladas ou agrupadas em inflorescências (corimbos) terminais (HINZ; SCHULZ, 2002; CUIZHI; ROBERTSON, 2003; ÁLVAREZ, 2005). Na maior parte das espécies, as flores períginas possuem cinco sépalas e cinco pétalas (HINZ; SCHULZ, 2002; HOOG, 2001), com vários estames inseridos nas bordas do hipanto, de cuja cavidade surgem os vários pistilos (MEYER, 1974). As variedades modernas, no entanto, foram desenvolvidas com maior número de pétalas (HOOG, 2001). Assim sendo, de acordo com o número de pétalas são classificadas como simples (de 5 a 7 pétalas), semidobradas (de 6 ou 8 a 14 ou 16 pétalas), dobradas (de 15 ou 17 a 20 ou 25 pétalas) ou intensamente dobradas, com mais de 20 ou 25 pétalas (LORD, 1999; DARDICK, 2003).

Os frutos, comumente denominados “hips” (CUIZHI; ROBERTSON, 2003), aparecem no outono (LORD, 1999) e têm cores brilhantes que variam da laranja à vermelha

até a cor púrpura, e são atrativos para os pássaros (MEYER, 1974). Por seu colorido, são também utilizados em composições florais.

As rosas são propagadas principalmente por enxertia e por estaquia, a fim de que as características desejadas sejam garantidas. A estaquia é muito utilizada para espécies destinadas à produção de frutos (UGGLA, 2004) e flores, enquanto a propagação sexuada se restringe à obtenção das variedades que servem como porta-enxerto (DRATHEN, 1997; HOOG, 2001). Os porta-enxertos são selecionados principalmente pela rusticidade, pela resistência e pelo vigor, de forma que influam sobre a produção e a qualidade das flores (ÁLVAREZ, 2005). Entre as espécies mais utilizadas para esse fim estão *Rosa canina* L. 'Inermis', uma das mais utilizadas; *R. multiflora* Thunb., bastante vigorosa e de rápido crescimento; *R. indica* L. 'Mayor' e *R. chinensis* 'Jacq. Manetti', ambas com boa influência sobre a qualidade da flor (DRATHEN, 1997; HOOG, 2001; ÁLVAREZ, 2005). De custo elevado, a técnica de propagação por cultura de tecidos é utilizada para a obtenção de plantas livres de doenças (ÁLVAREZ, 2005), mais uniformes e vigorosas (HOOG, 2001).

A distribuição geográfica das rosas

O gênero *Rosa* distribui-se naturalmente nas zonas temperadas e subtropicais do Hemisfério Norte (HOOG, 2001), na América do Norte, na Europa e na Ásia (RITZ et al., 2005), esta última considerada o centro primário de diversidade (BROERTJES; HARTEN, 1988). Mais de 65 espécies são endêmicas da China (CUIZHI; ROBERTSON, 2003). A rosa é encontrada na região polar, da Sibéria ao Alasca; no norte e no centro da Ásia, incluindo-se a China, a Coréia e o Japão; estendendo-se ao sul, até a Índia, o Cáucaso, a Arábia, a Etiópia e o norte da África. Ocorre, ainda, em parte da Islândia e na América do Norte até o México. As rosas-silvestres crescem em locais que variam

do pantanoso ao desértico (DICKERSON, 2001). Nenhuma rosa-silvestre foi encontrada no Hemisfério Sul (HARKNESS, 2003), todas as espécies existentes ao sul do Equador foram naturalizadas depois de introduzidas pelo homem (TARBOURIECH, 2001).

O uso desde a Antigüidade até os dias atuais

Definir com exatidão a idade das rosas é um desafio. Fósseis com idade estimada entre 3 e mais de 20 milhões de anos foram encontrados na Bulgária, na antiga Tchecoslováquia, na França, na Alemanha, nos Estados Unidos, na China e no Japão, o que evidencia a ampla distribuição das roseiras em todo o mundo (REDDEL, 1998; HARKNESS, 2003). Os fósseis encontrados nos Estados Unidos, nos estados do Colorado e de Oregon, sugerem que elas existam desde o Período Oligoceno, há pelo menos 32 milhões de anos (BARASH, 1991; REDDEL, 1998; TARBOURIECH, 2001; DARDICK, 2003). Porém, análises moleculares do DNA de espécies atuais indicam que elas devem existir desde o Jurássico, há 200 milhões de anos. Como se vê, a história das rosas é anterior à história da humanidade, já que a espécie *Homo sapiens* surgiu somente há cerca de 500 mil anos (MAUSETH, 1995).

Mas não é apenas sobre a idade das rosas que há divergências. Igualmente, não há consenso sobre quando e onde elas foram cultivadas pela primeira vez, embora alguns autores concordem de que tenha sido na China, há cerca de 5 mil anos (REDDEL, 1998; LOWERMONTHCLUB, 2005; STACK, 2006). De qualquer forma, a história do cultivo e do desenvolvimento das rosas se confunde com a história das grandes civilizações euro-asiáticas (MEYNET, 2001). Elas eram cultivadas pelos chineses, pelos persas e também pelas antigas civilizações da região do Mediterrâneo (PHILLIPS; RIX, 2004), inicialmente mais com propósitos medicinais e condimentares do que por suas qualidades estéticas (REDDEL, 1998; TARBOURIECH, 2001).

Na China, o cultivo de rosas se tornou popular em 500 a.C., conforme relato de Confúcio (561–479 a.C.), que escreveu sobre os jardins de rosas em Pequim (BARASH, 1991; SQUIRE; NEWDIDICK, 1991). Confúcio narrou que o Imperador da China possuía, na época, cerca de 600 livros sobre o cultivo de roseiras, e que se extraía óleo das rosas cultivadas nos jardins imperiais para uso exclusivo dos nobres e dignitários da corte. Se algum plebeu fosse encontrado com o óleo, era imediatamente condenado à morte (FLOWERMONTHCLUB, 2005). As plantas chinesas, altas e frágeis, apresentavam flores pequenas que serviam também como adorno pessoal e para afugentar espíritos (ÁLVAREZ, 2005).

Na antiga Pérsia, as rosas eram intensamente cultivadas em jardins, e seu prestígio era tal que a palavra “rosa” era utilizada como sinônimo da palavra “flor”. Da Pérsia elas foram levadas até a Babilônia, onde se tornaram símbolo de poder do Estado (SQUIRE; NEWDIDICK, 1991). É provável que fossem cultivadas, por volta de 600 a.C., nos Jardins Suspensos da Babilônia, uma das sete maravilhas do mundo antigo (BEALES, 2000).

A Suméria, considerada a civilização mais antiga da humanidade (5000–2000 a.C.), localizada entre os rios Tigre e Eufrates, era conhecida pela produção da água e do óleo extraídos de suas roseiras silvestres (HISTORY OF ROSES, 2005). Relatos históricos contam que o rei Sargon I (2684–2630 a.C.), da Mesopotâmia, encantado com a beleza das flores trouxe rosas de uma expedição militar feita no Rio Tigre (FLOWERMONTHCLUB, 2005).

No Egito, representações dessa flor foram encontradas em antigos afrescos (BEALES, 2000). Os egípcios utilizavam as rosas também para enfeitar as tumbas funerárias (DARDICK, 2003). Cleópatra (69–30 a.C.) usava tão frequentemente a essência de rosas, que se tornou moda usar esse perfume em sua época (ASHCAR, 2001; HARKNESS, 2003).

Na Grécia, entre 2800 a.C. e 2100 a.C., as rosas foram imortalizadas em jóias usadas pelos habitantes da Ilha de

Creta (BARASH, 1991). Afrescos e cerâmicas encontrados no Palácio Real de Minos revelam que a espécie era cultivada e apreciada em Creta ainda em 1800 a.C. Ela fazia parte de cerimônias, tanto das sagradas quanto das profanas (DICKERSON, 2001; ÁLVAREZ, 2005). Na mitologia clássica, está associada a Afrodite, deusa do amor e do desejo (SQUIRE; NEWDIDICK, 1991). A mitologia conta que Afrodite presenteou seu filho Eros com uma rosa, como símbolo do amor proibido que nutria por ele. Eros, por sua vez, oferecendo a rosa para Harpócrates, deus do silêncio, para esconder esse amor, transforma a flor igualmente em símbolo do silêncio e do segredo (FLOWERMONTHCLUB, 2005). Os gregos usavam rosas também em rituais de sacrifício, em cerimônias públicas e em suas refeições (DICKERSON, 2001).

Mas os romanos certamente superaram os egípcios e os gregos na admiração e na mitificação da flor. Em virtude de seus supostos poderes afrodisíacos, era prática comum dos romanos recobrir as camas e o chão das residências nobres com pétalas de rosas a cada banquete ou festividade (BEALES, 2000). Guirlandas feitas com a flor eram usadas pelos jovens romanos como símbolo de inocência e de virgindade (FLOWERMONTHCLUB, 2005). Suas pétalas eram adicionadas às bebidas com a finalidade de impedir a embriaguez, e serviam também para dar sabor a diversos pratos da culinária, bem como para produzir perfumes, misturas cosméticas e poções medicinais (BEALES, 2000). No início, os romanos traziam rosas do Egito, mas não existem relatos de como elas suportavam a longa viagem através do Mediterrâneo (ROSAS, 1994). Com o crescimento da demanda, os romanos sentiram necessidade de iniciar seu próprio cultivo em escala comercial (BARASH, 1991). Eles eram de tal forma devotados às roseiras que criaram as primeiras casas-de-vegetação, e tiveram o cuidado de circundá-las por canais preenchidos com água quente somente para ampliar o período de floração (BARASH, 1991; BEALES, 2000). Grandes viveiros foram instalados no sul da Itália, particularmente em Paestum,

próximo à atual Salerno (ROSAS, 1994). As rosas também desempenharam importante papel político e religioso durante o Império Romano (de 753 a.C. a 476 d.C.). Uma rosa pendurada no teto do recinto onde era realizada uma reunião indicava conteúdo secreto, e os confessorários, igualmente para indicar sigilo, faziam uso de rosas-brancas (BARASH, 1991). Atribui-se esse hábito ao simbolismo que a mitologia grega atribuiu às rosas (FLOWERMONTHCLUB, 2005). Com a Queda do Império Romano, iniciando a Idade Média (de 476 d.C. a 1453 d.C.), a popularidade dessas flores declinou sob pressão da Igreja Cristã, que as considerava símbolos de luxúria (BARASH, 1991; BEALES, 2000) e associadas aos cultos pagãos. As rosas passaram então a ter seu cultivo restrito (DICKERSON, 2001), e eram usadas apenas em cerimônias religiosas, na composição de medicamentos e, com menor frequência, para extração de fragrâncias (ÁLVAREZ, 2005). No final do período medieval, no entanto, o valor das rosas começou a ser novamente reconhecido. Em torno do ano 1200, a Igreja reassumiu seu simbolismo. Rosas-brancas passaram a representar a concepção imaculada da Virgem Maria, e as rosas-vermelhas o sangue derramado por Cristo. Contas feitas com uma mistura aquecida de pétalas cortadas, sal e água, roladas até adquirirem o formato desejado, formavam o rosário, cuja tradução literal é “reunião de rosas” (BARASH, 1991). Nos séculos 12 e 13, as Cruzadas foram responsáveis pela entrada de novas rosas na França e na Inglaterra (BARASH, 1991; BEALES, 2000), trazidas das expedições à Terra Santa.

Ainda no fim da Idade Média, teve início a ascensão da classe mercante, com destaque para a comercialização de produtos hortícolas. Com boa frota de navios e posição geográfica privilegiada, a Holanda começou, então, sua trajetória como centro de negócios da floricultura, que perdura até os dias de hoje (DICKERSON, 2001). As companhias holandesas levaram diversas rosas para seu país, e, assim, deram início ao desenvolvimento de novas variedades (SMITH, 2006).

Durante o século 15, a rosa foi usada como símbolo da luta pelo trono da Inglaterra (Guerra das Rosas, 1455 a 1487) entre a Casa dos Lancaster, representada pela rosa-vermelha – *R. gallica* L. var. *officinalis* – e a Casa dos York, representada pela rosa-branca – *Rosa alba* L. – (Harkness, 2003). No século 17, as rosas tinham tal valor que a realeza inglesa as empregava como moeda corrente. Tanto as flores quanto a água delas extraída eram freqüentemente utilizadas em trocas e pagamentos (STACK, 2006).

Na Índia, o imperador Jahangir restaurou um antigo jardim em Caxemira, para sua esposa favorita, Nur Jahan, durante seu reinado (1605–1627). Batizado de Shalimar, o jardim estava repleto de rosas e de outras flores perfumadas (ASCHAR, 2001).

A primeira coleção internacional de roseiras, responsável pela grande difusão das rosas no Ocidente, pertenceu à imperatriz Josephine (1763–1814), mulher de Napoleão Bonaparte (HARKNESS, 2003; STACK, 2006). Ela mantinha contato com melhoristas da Europa apenas com a finalidade de ter em seu jardim o maior número possível das variedades existentes (HINZ; SCHULZ, 2002). A intenção de colecionar todas as rosas conhecidas acelerou o ciclo de cruzamentos, em consequência da concorrência instaurada entre os produtores franceses, no afã de impressionar a imperatriz (BEALES, 2000). Nessa época, foi desenvolvida a técnica de cruzamento, que visava controlar a polinização por meio da fecundação artificial com pólen colhido especialmente para tal fim, aumentando, assim, a possibilidade de combinar características desejáveis de duas espécies (ROSAS, 1994). Em 1809, em plena guerra entre França e Inglaterra, a imperatriz conseguiu a proteção da rota de um navio vindo da China, apenas por estar carregado de rosas para sua coleção (SCHINZ, 1997). Quando morreu, no ano de 1814, Josephine possuía nos jardins de seu castelo, em Malmaison, perto de 250 variedades de rosas (HINZ; SCHULZ, 2002). Cerca de 15 anos depois, ainda sob influência do trabalho iniciado

pela imperatriz, foram catalogadas, na França, 2.500 variedades, o que indica a intensa atividade de cruzamentos realizados na época (AMERICAN ROSE SOCIETY, 2000).

Outro grande impulso no desenvolvimento de novas roseiras ocorreu em 1830, quando as rosas chinesas cruzaram naturalmente com as européias, na Ilha de Bourbon, dando origem às variedades híbridas perpétuas (SMITH, 2006). Desde então, o interesse concentrou-se cada vez mais no cruzamento entre as espécies asiáticas e européias, que originou os diversos híbridos utilizados ainda hoje (DICKERSON, 2001).

A entrada das rosas chinesas no continente europeu ocorreu de forma pouco convencional, no fim do século 18 (BARASH, 1991). Não foi nada fácil levar essas rosas para a Europa, pois os chineses mantinham seus portos fechados ao comércio europeu. Somente com a liberação de alguns portos para a English East India Company e a Dutch East Indian Company, que tinham interesse particular nos chás, nas sedas e nos condimentos, foi possível acessar o interior do país, ainda que secretamente, para coletar sementes e plantas. A ambição por novas plantas, entre elas as rosas, chegou a tal ponto que o botânico inglês Robert Fortune se disfarçou de servo chinês apenas para alcançar seu intento de levar, a pedido do Royal Botanic Gardens de Kew, na Inglaterra, diversas rosas chinesas para a Europa (AMERICAN ROSE SOCIETY, 2000).

A história das rosas é, pois, fruto de um longo processo que envolve dois grupos que se desenvolveram geograficamente distantes e tiveram sua importância separadamente ou em combinação: as rosas do Oriente e as do Ocidente. Com a variabilidade disponível, foi possível obter novos híbridos, partindo de cruzamentos não controlados até chegar aos cruzamentos interespecíficos, que deram origem às rosas atualmente utilizadas para os mais diversos fins (BARASH, 1991; HOOG, 2001).

Sobre a história das rosas no Brasil, há poucas referências disponíveis, embora existam registros de que elas foram

trazidas pelos jesuítas entre os anos de 1560 e 1570. Plantadas próximo à Vila de Piratininga, atual cidade de São Paulo, as primeiras roseiras tinham suas flores utilizadas em solenidades religiosas. A citação literária mais antiga sobre rosas no Brasil é de 1813, em uma descrição do Município de Roseira, cujo nome se originou das rosas (rosa-branca brava e rosinha-trepadeira “mariquinha”) existentes à margem do Caminho Real, que passava por seu território. Um manuscrito, existente na Biblioteca do Museu dos Ciclos Socioeconômicos do Vale do Paraíba, afirma que as rosas-brancas e a rosinha-trepadeira cobriam cercas e divisas das propriedades ao longo desse caminho (CIDADEAPARECIDA, 2003). Mas foi a partir da criação da Ordem da Rosa, em 1829, por meio da qual D. Pedro I homenageava os nobres por seus feitos, que a rosa passou a ser cultivada em jardins públicos (PETRY, 2000).

As rosas no contexto da floricultura atual

A rosa é a espécie ornamental de maior importância na floricultura mundial. Seu cultivo abrange todos os continentes, e praticamente todos os países do mundo (MEYNET, 2001), representando, juntamente com os cravos e as cravinas, cerca de 70 % da demanda mundial (ANEFALOS, 2004). Como flor de corte, destaca-se por sua beleza, diversidade, perfume e longa estação de florescimento (TABASSUM et al., 2002).

Atualmente, a Holanda é o maior importador e exportador de rosas de corte da União Européia. Seu maior fornecedor é o Quênia, que, juntamente com a Zâmbia e o Equador, são responsáveis por 61 % do total de rosas importadas pela Holanda. A Alemanha é o maior comprador, adquirindo 42 % do total das rosas exportadas pela Holanda (HOOG, 2001). Na América do Sul, os maiores produtores são a Colômbia e o Equador (MOTOS; PACHECO, 2004), especializados em rosas com grandes botões florais e hastes

longas, destinadas principalmente para o mercado norte-americano. Cerca de 36 % das flores de corte importadas pelos Estados Unidos são rosas, 58 % delas provenientes da Colômbia e 31 % do Equador (KIYUNA et al., 2005).

No Brasil, a produção comercial de rosas teve início somente na década de 1940, após seleção das variedades mais adaptadas ao clima do País. Como resultado, são cultivadas, atualmente, mais de 2 mil variedades capazes de produzir em temperaturas que variam desde 8 °C até 25 °C (TOMÉ, 2004). As rosas mais cultivadas são as de cores tradicionais, como vermelha, cor-de-rosa, amarela, branca e, mais raramente, laranja (SEBRAE, 2005). A produção nacional de rosas para corte atende tanto o mercado interno como o externo (NOVARO, 2005), e é responsável pela metade do volume total de flores e de plantas ornamentais exportadas pelo Brasil (PEROSA, 2001). O maior exportador é o Estado de São Paulo, seguido pelo Ceará (TOMÉ, 2004), e os maiores compradores das rosas brasileiras são a Holanda, os Estados Unidos e Portugal (SILVA, 2006).

No Rio Grande do Sul, a rosa aparece como a principal flor de corte cultivada, envolvendo 160 unidades de produção (DAUDT, 2002). A taxa de expansão do cultivo de rosas nesse estado chegou a 86,5 % entre 1996 e 2000. No mesmo período, a produção passou de 545 mil dúzias para mais de um milhão de dúzias de hastes por ano, alcançando também o maior volume de produção entre as flores de corte (PADULA et al., 2003). Na região sul do estado, o cultivo de rosas é o que mais atrai os produtores de flores de corte. Entre os 20 produtores dessa categoria de cultivo, 7 dedicam-se à produção de rosas para corte e de mudas de roseiras (STUMPF, 2007).

Das rosas-silvestres às variedades modernas

As rosas cultivadas, atualmente, são o resultado de séculos de mutações espontâneas e de hibridações (ROUT et al.,

1999). Não há uma revisão conclusiva a respeito da evolução da espécie, mas, esquematicamente, ela é dividida em três períodos. O primeiro, e mais longo, marcado pela domesticação e pelo uso das rosas-silvestres, teve início na Pré-História e perdurou até os anos 1800, quando se iniciou então o segundo período, no qual se destaca a descoberta dos cruzamentos interespecíficos, a partir do ingresso das rosas orientais na Europa e da publicação das leis de Mendel. A exploração dos recursos genéticos e o uso da biotecnologia para produção das variedades modernas de rosas caracterizam o terceiro período, que perdura até os dias de hoje (MEYNET, 2001; HOOG, 2001).

Apesar de a literatura e a arte antigas enfocaram frequentemente as rosas em suas obras, não há menção sobre a que espécies se referem. Aparentemente, as rosas com flores simples, de cinco pétalas, cultivadas e apreciadas pelos persas, gregos e romanos, eram da espécie *R. gallica* (SMITH, 2006). *R. damascena* Miller, por sua vez, parece corresponder às rosas cultivadas na época de Nero, em Paestum, e mencionadas nos poemas de Virgílio (Roma, 70–19 a.C.). As rosas perfumadas existentes na região de Campanie durante o período romano, e descritas por Plínio (23–79 d.C.), podem ser *R. alba* (DICKERSON, 2001; MEYNET, 2001). Esse escritor e historiador romano menciona, em sua obra *Historia naturalis*, diversas espécies e híbridos, além de *R. alba*, incluindo *R. damascena* e *R. canina*, todas nativas da Europa (BEALES, 2000).

R. moschata foi introduzida pelos árabes no sul da Europa, no século 12, juntamente com outras espécies. Uma delas, *R. foetida*, com flores pequenas de coloração amarelo-ouro, foi posteriormente responsável por trazer essa cor para as rosas modernas (MEYNET, 2001; PHILLIPS; RIX, 2004).

Na Idade Média, todas essas espécies continuaram sendo utilizadas (ÁLVAREZ, 2005), mas com o cultivo limitado aos mosteiros (SMITH, 2006). No fim do século 18, o cruzamento entre rosas ainda ocorria, na Europa, somente pela polinização natural, ao serem cultivadas diferentes

espécies, lado a lado. As sementes eram então coletadas e semeadas, e davam origem a novas roseiras (AMERICAN ROSE SOCIETY, 2000).

A evolução das rosas orientais e, mais especificamente, das chinesas, é pouco conhecida. O que se sabe é que, no período compreendido entre 1750 e 1824, quatro variedades, em particular, foram desenvolvidas. Duas eram variedades das autênticas rosas chinesas (*R. chinensis*), uma delas com flores de coloração rosa, e a outra com flores vermelhas. As outras duas eram variedades de rosas-de-chá (*R. odorata*), uma com flores vermelhas e outra com flores amareladas (DICKERSON, 2001). A denominação incomum de rosa-de-chá é atribuída à sua fragrância característica (VERMEULEN, 2004).

As hibridações entre roseiras de diferentes partes do mundo tiveram início a partir de 1800, com a introdução das rosas orientais no pool gênico de rosas na Europa, quando híbridos remontantes (que florescem continuamente) passaram a ser produzidos (OPHARDT, 2005). Começou então uma longa e complicada história de hibridações extremamente numerosas (MEYNET, 2001), com cruzamentos envolvendo sete ou oito espécies, as quais resultaram no desenvolvimento de todas as variedades modernas (CHANNELIÈRE et al., 2002). Em 1810, foi desenvolvida *R. centifolia*, uma linhagem complexa obtida por melhoristas da Holanda, a partir do cruzamento natural entre rosas orientais e holandesas (ÁLVAREZ, 2005), embora registros feitos pelo grego Theophrates (327–287 a.C.), sobre uma rosa com cem pétalas, tivessem confundido sua verdadeira origem durante muito tempo (SINCLAIR;THODEY, 1993).

As primeiras rosas orientais trazidas para a Europa foram *R. chinensis* e *R. gigantea*, esta última de porte alto, hábito trepador e flores amarelas (HOOG, 2001; DARDICK, 2003; ÁLVAREZ, 2005). A maior diferença entre as espécies européias e as chinesas, no entanto, estava na floração. As européias floresciam apenas uma vez ao ano, por um

curto período, enquanto as chinesas floresciam continuamente, algumas durante toda uma estação, o que revolucionou e impulsionou o desenvolvimento de novas variedades (BARASH, 1991). Como resultado do cruzamento dessas espécies de origem distinta, era obtida uma progênie com um único florescimento anual, como as européias. Mas ao serem cruzadas entre si e, a seguir, novamente com *R. chinensis* e *R. odorata*, eram finalmente obtidos os desejados híbridos remontantes (DICKERSON, 2001). Em 1837, apareceram os primeiros roseirais com mais de uma floração ao ano (ÁLVAREZ, 2005).

Em 1867, a rosa “La France”, hibridizada por Jean-Baptiste Guillot, foi considerada a primeira rosa híbrida-de-chá. A data de seu lançamento delimitou a classificação das roseiras, com a criação do grupo das rosas modernas (BEALES, 2000; DARDICK, 2003).

As rosas modernas incluem as híbridas-de-chá, as poliantas (ou multifloras), as floribundas, as grandifloras, as miniaturas e as trepadeiras (LORD, 1999; BARBOSA, 2003; SEBRAE, 2005). As poliantas compreendem as rosas resultantes do cruzamento entre *R. multiflora* e *R. chinensis* (BARBOSA, 2003; VERMEULEN, 2004). O grupo floribunda originou-se do cruzamento entre as híbridas-de-chá e a polianta japonesa *R. rugosa*, em 1920. As grandifloras foram produzidas nos anos de 1950, pelo cruzamento de floribundas com híbridas-de-chá (SMITH, 2006). As miniaturas resultaram do cruzamento de *R. pensilla* e *R. semperflorens*, enquanto as trepadeiras constituem um grupo de plantas diversas, originárias de *R. multiflora*, *R. wichuraiana* e mutações de híbridas-de-chá (BARBOSA, 2003).

Desse grupo, as mais importantes são as híbridas-de-chá, com uma ou mais flores por ramo; as poliantas, com cachos de pequenas flores; e as floribundas e grandifloras, ambas com um número de flores intermediário entre os dois primeiros (HOOG, 2001). As híbridas-de-chá, com flores únicas, grandes e perfumadas, e de haste longa, são as rosas utilizadas como flor de corte (SEBRAE, 2005). Seu

cultivo declinou durante os anos de 1930 e o período das guerras, mas retomou lugar de destaque com a introdução da rosa Peace, em 1945 (AMERICAN ROSE SOCIETY, 2000).

Uma rosa é classificada como antiga se pertence ao grupo existente antes de 1867 (HINZ; SCHULZ, 2002; FLOWERMONTHCLUB, 2005). Das rosas antigas, destacam-se a alba, a centifólia, a damascena, a gálica, a chinesa, a mosqueta e a rosa-de-chá (LORD, 1999).

As albas estão entre as rosas mais antigas ainda em produção (BEALES, 2000). Bastante resistentes a doenças, a sombreamento e a baixas temperaturas, produzem flores perfumadas na cor rosa ou branca; as centifólias têm flores rosa, avermelhadas ou brancas, intensamente dobradas (perto de 100 pétalas) e perfumadas; as damascenas apresentam flores brancas e vários tons de rosa, e seu aroma tem sido usado na indústria da perfumaria; as gálicas produzem flores duplas, nas cores púrpura, malva e rosa, e são bem perfumadas (OPHARDT, 2005). As chinesas também têm flores dobradas ou semidobradas, nas cores vermelha, rosa, branca e púrpura; a mosqueta apresenta um corimbo de flores brancas e perfumadas, e as rosas-de-chá, ou odoratas, têm flores na cor laranja, rosa, amarela ou branca, muito perfumadas (CUIZHI; ROBERTSON, 2003).

Um pouco sobre sabores e aromas

As rosas são cultivadas não apenas para o paisagismo e para a comercialização das hastes florais, mas também para a utilização específica das pétalas e dos frutos para os mais diversos fins (MEYER, 1974; TABASSUM et al., 2002; CUIZHI et al., 2003).

Principalmente os frutos de espécies silvestres da seção *Caninae* e, mais raramente, de *Cinnamomeae* têm longa tradição como matéria-prima de chás, de geléias e de sucos, e podem ainda ser consumidos in natura (UGGLA, 2004).

Os chineses foram os primeiros a descobrir as qualidades medicinais dos frutos, fazendo de sua polpa um chá com propriedades diuréticas (GILL; POGGE, 1974). Os frutos são fonte de vitaminas C (FLOWERMONTHCLUB, 2005), A, B e E, e também de fósforo, cálcio e niacina (AMERICAN ROSE SOCIETY, 2000). Contêm ainda altos teores de carotenóides, compostos fenólicos e compostos voláteis. Por suas propriedades medicinais, países como a antiga Tchecoslo-váquia, a Alemanha e a Rússia desenvolvem programas de melhoramento voltados especialmente para a produção dos frutos de roseiras (UGGLA, 2004).

A história conta que, durante a Segunda Guerra, com a interrupção do comércio de frutas cítricas para a Inglaterra, sinais de escorbuto começaram a aparecer em virtude da falta da vitamina C, sobretudo entre as crianças. Essa carência foi suprida graças à descoberta de que os frutos de rosas-silvestres, que cresciam naturalmente no país, continham mais vitamina C do que as laranjas e os limões. Os frutos colhidos diretamente na natureza foram então utilizados no preparo de chás, sopas e xaropes fornecidos às crianças (AMERICAN ROSE SOCIETY, 2000).

Por séculos as rosas foram também o principal ingrediente da mais refinada culinária. A receita mais antiga de doces com rosas data do Império Romano, ainda que outras civilizações tenham também tirado proveito das qualidades aromáticas de suas rosas nativas (FLOWERMONTHCLUB, 2005). Os frutos de *R. canina*, por exemplo, foram utilizados desde a Antigüidade para o preparo de doces (ÁLVAREZ, 2005) e, ainda hoje, são empregados para a elaboração de gélias e como fonte de vitamina C (FLOWERMONTHCLUB, 2005). Na antiga Grécia, pétalas de rosas moídas faziam parte de receitas sofisticadas (ASHCAR, 2001). No século 10, os persas exportavam água de rosas para a maior parte da Europa, da África do Norte e da Ásia, com a finalidade de fazer parte da composição de receitas de bolos e biscoitos (FLOWERMONTHCLUB, 2005). Ainda no século 13, ela servia para dar sabor a molhos, sopas e cozidos (HINZ;

SCHULZ, 2002). No século seguinte, as rosas eram usadas não apenas no tempero de pratos salgados, como peixes e molhos, mas também para a elaboração de sobremesas, doces e geléias. No século 19, eram intensamente usadas em todo o mundo como corante e flavorizante de chás, doces, molhos, óleos e conservas (FLOWERMONTCLUB, 2005). Atualmente, o marzipã e alguns licores ainda levam a água de rosas em sua composição (HINZ; SCHULZ, 2002).

O valor econômico das rosas também reside no uso das pétalas como fonte natural de fragrâncias. O aroma é determinado por uma complexa mistura de moléculas voláteis, de baixo peso molecular. Por muitos anos a pesquisa de fragrâncias florais esteve focada na elucidação química de seus componentes e, como resultado, foram identificadas centenas de compostos, dos quais muitos são fenilpropanóides, terpenóides e derivados de ácidos graxos. Análises da expressão de genes relacionados ao aroma mostraram que o local de sua produção e emissão são as células da epiderme das pétalas (GUTERMAN et al., 2002).

O tipo e a intensidade da fragrância variam também entre as espécies e variedades de rosas (ZUKER et al., 1998). De modo geral, as rosas com pétalas amarelas produzem aroma cítrico ou de aniz, e as de cor vermelha ou rosa-intenso emitem uma fragrância adamscada, associada às rosas antigas. A rosa '*White Lightin'*', por sua vez, embora de cor branca produz um forte aroma cítrico herdado de suas ancestrais amarelas, o que mostra que nem sempre a cor pode ser associada indistintamente a determinado aroma (DARDICK, 2003).

R. damascena é a espécie mais importante na produção da água, da essência e de óleos essenciais para a indústria da perfumaria (ZUKER et al., 1998), destacando-se, para o último propósito, a variedade *R. x damascena* Miller '*Trigintipetala*' (HINZ; SCHULZ, 2002). Para obter 1 kg de óleo essencial de rosas, perto de 4 mil quilogramas de pétalas são empregadas (ASHCAR, 2001), enquanto, para o preparo de 1 L de água de rosas, é necessário 1 kg de pétalas frescas (ÁLVAREZ, 2005).

As antigas civilizações faziam uso intenso do aroma das rosas. Os egípcios, por exemplo, encaravam o perfume como um néctar dos deuses e acreditavam que, usando-o, era-lhes possível tocar a alma dos mortos. Cultivavam os estímulos olfativos a ponto de adotar diferentes fragrâncias para cada parte do corpo, num exótico coquetel. Cleópatra (69–30 a.C.), a rainha do Egito, usava essência de rosas como perfume pessoal e para impregnar as velas de seu barco, a fim de impressionar e marcar os locais por onde passava. A história conta, ainda, que ela se untou com óleo de rosas selecionadas ao atravessar o Mediterrâneo para encontrar-se com Marco Antônio, a quem costumava receber em uma cama coberta de pétalas de rosas (ASHCAR, 2001; HARKNESS, 2003). Na Grécia, por volta de 800 a.C., as cidades de Atenas e Corinto exportavam óleo de rosas maceradas. Os gregos chegavam ao exagero de aplicar perfumes antes e depois das refeições (ASHCAR, 2001). As mulheres romanas faziam uso da essência de rosas como perfume e, por acreditar em suas propriedades rejuvenescedoras, utilizavam-na também como emoliente para a pele (BARASH, 1991).

A primeira água de rosas do mundo foi preparada pelo alquimista árabe Ibn-Sina, conhecido como Avicena (980–1073), que isolou o perfume das pétalas em forma de óleo (*attar*), o que representa um grande passo na história da perfumaria. Um dos cem livros que escreveu foi dedicado inteiramente às rosas (KEVILLE; GREEN, 1995). Em Bagdá, séculos mais tarde, milhares de garrafas desse óleo eram consumidas para aplicação na pele, no cabelo e, também, para uso na culinária. Predominava *R. damascena*. A cidade persa de Shiraz ficou conhecida por sua água-de-rosas, exportada para a Europa, a Índia e a China, do século 7 até o século 17. Na Itália, antes do advento dos talheres, no fim do século 17, tigelas com água-de-rosas eram colocadas ao lado dos pratos, para que os comensais pudessem lavar suas mãos. A perfumaria ficou adormecida no Ocidente após a Queda de Roma, mas, durante os séculos 14 e 15, o comércio florescente provocou investimentos e

experiências nas artes e nos aromas. As damas inglesas da corte de Elisabeth I (1533–1603) aplicavam rosas secas em seus decotes, enquanto, na França, o rei Luís XIV (1638–1715) perfumava suas luvas com rosas (ASHCAR, 2001). Atualmente o maior produtor de essência de rosas – a mais cara entre todas as essências de flores – é a Bulgária (ÁLVAREZ, 2005). O óleo de origem búlgara é intensamente empregado na indústria de perfumes e cosméticos, mas tem aplicação também na farmacologia (HINZ; SCHULZ, 2002).

Na época de D. João VI, embora o hábito do banho não fosse totalmente adotado pelos portugueses radicados no Rio de Janeiro era comum que as lavadeiras negras perfumassem as roupas com flores aromáticas, como a rosa, seguindo-se a tese que vigorava na época, de que era “a roupa que deveria ser lavada” (BUENO, 2007). As primeiras indústrias nacionais de perfumes começaram a se destacar no início dos anos de 1900 (ASHCAR, 2001). Na perfumaria brasileira, as rosas foram ingrediente de produtos que marcaram diferentes décadas. Em 1929, foi lançada uma loção à base de rosas, a qual se destinava à beleza da pele feminina; no início dos anos de 1930, foi fabricado um exótico perfume com notas de madeiras orientais; nos anos de 1940, outro perfume com rosas em sua composição marcou a história da perfumaria brasileira, que depois disso criou a linha de sabonetes, loções e talco feminino, lançada por outro fabricante, nos anos de 1950. A moderna perfumaria brasileira continua utilizando as rosas não apenas nas fórmulas de produtos femininos, mas também nas de produtos masculinos (ASHCAR, 2001).

Genética e melhoramento: uma visão evolutiva

Ao longo das eras geológicas, as mutações espontâneas, os fluxos migratórios de genes (por animais consumindo

frutos ou por insetos transportando pólen) e as hibridações naturais criaram imensa diversidade genética, a qual foi submetida à pressão de seleção natural determinada pelas condições edafoclimáticas da área de ocupação das rosas (MEYNET, 2001).

Na Antigüidade, as rosas eram coletadas de seu ambiente natural para serem cultivadas em jardins, mas não se sabe se então eram propagadas por meio de sementes ou vegetativamente. O fato é que, nesse período, novas variedades somente surgiam como resultado da polinização natural (HOOG, 2001). A ampla variabilidade existente, aliada à intensa hibridação natural, sugere que a maior parte dos híbridos surgiu de forma espontânea (HINZ; SCHULZ, 2002). A introdução de novos genótipos e a troca de variedades e de espécies somente eram feitas pelos viajantes da época, que ampliavam, desse modo, a variabilidade genética disponível. Essa mesma variabilidade, no entanto, passou a sofrer um estreitamento tanto por causa da seleção de certos tipos preferidos de rosas pelo desconhecimento de que algumas características poderiam ser passadas nos cruzamentos. Era sabido apenas que as novas plantas obtidas possuíam alguma relação com as demais da coleção. Mais tarde, foi descoberto que, a partir das variedades iniciais, principalmente diplóides, era possível desenvolver novas variedades, normalmente tetraplóides (HOOG, 2001). A primeira hibridação intencional, com o claro propósito de produzir uma nova variedade, ocorreu na primeira metade do século 19, provavelmente em torno de 1820, na França (MATTOCK, 1995), país que se destacou pelo desenvolvimento de novas variedades até os anos de 1900 (DICKERSON, 2001).

Grande parte das espécies do gênero *Rosa* é diplóide ou tetraplóide, com um número de cromossomos que varia de $2n=2x=14$ até $2n=8x=56$ (ROUT et al., 1999; RAJAPAKSE, 2001). A poliploidia é freqüente nas seções *Pimpinellifoliae*, *Gallicanae*, *Cinnamoneae* e *Caninae*, mas não é comum entre as espécies silvestres (MA et al., 1997), que são geralmente diplóides (RAJAPAKSE, 2001).

As rosas atualmente cultivadas constituem uma grande coleção de híbridos interespecíficos (MALITZ, 1996), que formam o complexo *R. hybrida*, essencialmente composto por genótipos tetraplóides ($4n=4x=28$). A origem desse complexo pode ser creditada ao cruzamento entre as espécies europeias tetraplóides *R. gallica*, *R. damascena* e *R. foetida* e as espécies asiáticas diplóides *R. chinensis*, *R. gigantea*, *R. moschata*, *R. multiflora* e *R. wichuraiana* (EL MOKADEN et al., 2002).

Entre as espécies diplóides, destacam-se ainda as poliantas (embora algumas sejam triplóides), *R. rugosa* e as espécies pertencentes à seção *Synstylae*. As espécies triplóides mais conhecidas são as híbridas de rosa-mosqueta, bem como as perpétuas e alguns de seus híbridos. Além das espécies tetraplóides já citadas existem as floribundas, as híbridas-de-chá e a *R. centifolia*. *R. alba*, por sua vez, é uma espécie hexaplóide.

Existem ainda os denominados complexos, cuja ploidia é variada. Os principais complexos são *R. acicularis* (com 14, 28, 42 ou 56 cromossomos), *R. canina* (a maior parte com 35 e algumas com 42 cromossomos), *R. chinensis* (a maior parte com 14 cromossomos, mas também com 21 ou 28) e *R. odorata* (a maior parte com 14 e algumas apresentando 21 ou 28 cromossomos) (NEUMEYER, 2005). As espécies pertencentes ao complexo *R. canina* possuem meiose desbalanceada, resultando em gametas com diferentes números cromossômicos: o masculino geralmente com 7 e os femininos com 21, 28 ou 35 cromossomos (TARBOURIECH, 2001; WERLEMARK et al., 1999). Vários autores relatam também a ocorrência de apomixia nesse complexo, ou seja, formação de sementes sem a fertilização (UGGLA, 2004).

As rosas produzidas para o mercado atual são quase que exclusivamente tetraplóides, embora existam algumas triplóides. Principalmente entre as variedades de florescimento contínuo, o vigor das plantas cresce com o aumento do nível de ploidia (HOOG, 2001).

Desde que teve início, ainda no século 19, até os dias de hoje, a produção de novas variedades não apresentou mudanças drásticas, embora o trabalho tenha progredido nos anos de 1960, com o aprofundamento no conhecimento da fisiologia de reprodução das espécies, de modo que foram determinadas as melhores condições para polinização e germinação. Os critérios de seleção passaram então a ter novos objetivos, como resistência a baixas temperaturas e a doenças e maior durabilidade pós-colheita (GUDIN, 2001). Outras características como formato e cor de flor, floração recorrente e, em menor grau, o perfume, foram igualmente selecionadas nos programas de melhoramento. Em alguns casos, o perfume foi perdido nos estágios mais avançados do processo de seleção, particularmente nas híbridas-de-chá, destinadas à produção de flores de corte, cujos trabalhos estiveram dirigidos principalmente para o formato das flores e sua longevidade após o corte (CHANNELIÈRE et al., 2002). As seleções voltadas para a durabilidade das flores, prioritária durante muito tempo e cuja consequência era a perda do perfume, sugerem uma correlação entre essas características, ainda que a causa específica dessa perda não esteja devidamente esclarecida (GUTERMAN et al., 2002).

No início do século 20, o melhoramento de rosas apresentou grande incremento. Os melhoristas passaram a desenvolver seus trabalhos em casas-de-vegetação, o que, aliado à compatibilidade entre as espécies, facilitou a obtenção de novas formas e cores. Como as rosas para corte geram de três a cinco vezes mais royalties do que as rosas para jardim, por exemplo, as empresas privadas de melhoramento concentram seus esforços naquela categoria. Normalmente, no entanto, 99 % das plantas resultantes dos cruzamentos são descartadas ainda na primeira seleção, o que provoca perda genética. Essa seleção negativa, combinada com a seleção baseada apenas em características fenológicas, tem trazido como consequência a perda de outras propriedades que não são externadas visualmente (HOOG, 2001), como a resistência a doenças e o aroma.

Desde a década de 1990, marcadores moleculares têm sido usados para caracterizar o genoma das rosas (GUDIN, 2001; RAJAPAKSE, 2001). As plantas ornamentais são de particular interesse como modelo, pois apresentam um genoma pequeno, com aproximadamente 560 Mb (CHANNELIÈRE et al., 2002). O maior propósito de mapear o genoma das rosas é localizar genes que controlam características importantes, para então identificar sua exata posição dentro do cromossomo e conseguir manipulá-lo (RAJAPAKSE, 2001). Assim sendo, características como coloração de pétalas, formato, longevidade, hábito e resistência podem ser modificadas com o uso de técnicas de transformação genética. Da mesma forma, a engenharia genética pode ser aplicada para aumentar a durabilidade pós-colheita, bloqueando a produção de etileno pelas flores. Nesse caso, o benefício seria também ambiental, já que produtos tóxicos são intensamente utilizados com esse propósito (BIJMAN, 1994).

Considerando-se o recente uso de genes de espécies silvestres e a elevada variabilidade genética das atuais variedades, estima-se que seja possível a obtenção de variedades revolucionárias nos próximos anos, especialmente com relação à resistência a doenças e a pragas, ao frio e à seca, assim como a obtenção de plantas e flores com os mais diversos formatos, hábitos de crescimento (GUDIN, 2001) e cores (HOOG, 2001). É interessante observar que as rosas não possuem genes que as permitam produzir flores em todo o espectro de cores. Flores de um azul-puro, por exemplo, não podem ser produzidas (BIJMAN, 1994). Mesmo assim, muitas empresas têm trabalhado para conseguir uma rosa azul, mas, nessa busca, somente variedades roxas e lilases têm sido obtidas. Nos anos de 1960, o cruzamento entre duas rosas de coloração lilás, 'Simone' e 'Sterling Silver', e, a seguir, o cruzamento da progênie obtida com a rosa 'Song of Paris', de tom lilás-claro, apresentou como resultado a rosa denominada 'Blue Heaven', de tonalidade apenas azulada (ROSAS, 1994). Mais recentemente, em 1993, foi lançada a variedade 'Blue Bajou', produzida pela empresa alemã Kordes, que, ao contrário do que o nome indica, tem flores de coloração lilás-claro (VERMEULEN, 2004).

O desenvolvimento de variedades resistentes a doenças e a pragas, no entanto, parece ter maior urgência dentro dos critérios de melhoramento, já que, para o cultivo de rosas, é necessário utilizar grande quantidade de produtos químicos, em decorrência da elevada suscetibilidade (BIJMAN, 1994), principalmente ao oídio (*Sphaerotheca pannosa*) e à pinta-preta (*Diplocarpon rosae*). Existem numerosas espécies silvestres resistentes a esses fungos, as quais podem ter essa característica utilizada nos programas de melhoramento. Nesse sentido, a indústria das rosas pode obter grande benefício com o uso de marcadores moleculares, de técnicas de engenharia genética e de mapeamento genético (RAJAPAKSE, 2001).

No Brasil, desde 2000, produtores de São Paulo vêm cultivando variedades de rosas com botões florais maiores, que alcançam até 10 cm de comprimento, e com cores mais vibrantes do que as disponíveis até então. Os produtores utilizam material genético importado e, para assegurar o bom resultado, deslocaram suas áreas de cultivo para regiões com clima mais propício, como o Ceará e Minas Gerais, e investiram em novas tecnologias de produção, de colheita e de armazenamento. A finalidade desse trabalho é apresentar variedades nacionais que tenham condições de competir com as rosas colombianas (SILVA, 2006), importadas desde 1996 para atender a demanda nas datas mais importantes da floricultura, como o Dia das Mães, o Dia dos Namorados e o Dia de Finados (KÄMPF, 1997). O mercado de fornecimento de mudas e de melhoramento genético de rosas também tem sido beneficiado pelo trabalho de uma empresa privada de Cotia, São Paulo, que trabalha com rosas há mais de 60 anos e desenvolveu mais de 300 novas variedades de rosas em parceria com os Estados Unidos, a França e a Alemanha (CLARO, 1999).

Referências

ÁLVAREZ, M. **Rosas**. Buenos Aires: Albatros, 2005. 112 p.

AMERICAN ROSE SOCIETY. **Ultimate rose**. New York: DK, 2000. 160 p.

- ANEFALOS, L. C. **Modelo insumo-produto como instrumento de avaliação econômica da cadeia de suprimentos**: o caso da exportação de flores de corte. 2004. 210 f. Tese (Doutorado em Economia Aplicada) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- ASHCAR, R. **Brasilelência**: a cultura do perfume. São Paulo: Nova Cultural, 2001. 203 p.
- BARASH, C. W. **Roses**: an illustrated identifier and guide to cultivation. New Jersey: Chartwell Books, 1991. 128 p.
- BARBOSA, J. G. **Produção comercial de rosas**. Viçosa: Aprenda Fácil, 2003. 200 p.
- BEALES, A. **Roses**: a care manual. San Diego: Laurel Glen, 2000. 128 p.
- BIJMAN, J. Flower colour is major terget in genetic engineering of cut flowers. **Biotechnology and Development Monitor**, Amsterdam, n. 20, p. 10, 1994.
- BROERTJES, C.; HARTEN, A. M. van. (Ed.). Applied mutation breeding for vegetatively propagated crops. **Developments in Crop Science**, Amsterdam, v. 12, p. 197-204, 1988.
- BUENO, E. **Passado a limpo**: a história da higiene pessoal no Brasil. São Paulo: Gabarito Editorial, 2007. 80 p.
- CHANNELIÈRE, S.; RIVIÈRE, S.; SCALLIET, G.; SZECSI, J.; JULLIEN, F.; DOLLE, C.; VERGNE, P.; DUMAS, C.; BENDAHMANE, M.; HUGUENEY, P.; COCK, J. M. Analysis of gene expression in rose petals using expressed sequence tags. **FEBS Letters**, Oxford, v. 515, n. 1-3, p. 35-38, 2002.
- CIDADEAPARECIDA. Disponível em: <<http://www.cidadeaparecida.com.br>>. Acesso em: 25 set. 2003.
- CLARO, D. P.; SANTOS, A. C.; ALENCAR, E.; ANTONIALLI, L. M.; LIMA, J. B. O complexo agroindustrial das flores do Brasil e suas peculiaridades. **Revista de Administração da UFLA**, Lavras, v. 1, n. 2, p. 17-31, 1999.
- CUIZHI, G.; LI, C.; LU, L.; JIANG, S.; ALEXANDER, C.; BARTHOLOMEW, B.; BRACH, A. R.; BOUFFORD, D. E.; IKEDA, H.; OHBA, H.; ROBERTSON, K. R.; SPONGBERG, S. A. Rosaceae. **Flora of China**, St. Louis, v. 9, p. 46, 2003.
- CUIZHI, G.; ROBERTSON, K. R. Rosa. **Flora of China**, St. Louis, v. 9, p. 339-381, 2003.
- DARDICK, K. L. **Simply roses**: the essential guide to easy gardening. New York: Universe, 2003. 160 p.
- DAUDT, R. H. S. **Censo da produção de flores e plantas ornamentais no RS na virada do milênio**. Porto Alegre, 2002. 107 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.
- DICKERSON, B. C. **The old rose advisor**. New York: Authors Choice, 2001. 361 p.
- DICKINSON, T. A., EVANS, R. C., CAMPBELL, C. S. **Rosaceae classification and phylogeny**: introduction and overview. In: BOTANY 2002: Botany in the curriculum: integrating research and teaching. ASPT Colloquium: Rosaceae Phylogeny. Wisconsin: University of Wisconsin, 2002. Disponível em: <<http://www.2002.botanyconference.org/sympos13/abstracts>>. Acesso em: 5 set. 2005.
- DRATHEN, E. Von. **El cultivo de rosas de corte en invernadero**. Elmshorn: Rosenschulen GmbH & Co KG, 1997. 56 p.
- EL MOKADEM, H.; MEYNET, J.; CRESPEL, L. The occurrence of 2 n eggs in the dihaplois derived from *Rosa hybrida* L. **Euphytica**, Wageningen, v. 124, p. 327-332, 2002.
- FLOWERMONTHCLUB. Disponível em: <<http://flowermonthclub.com/newsletters/vol3no8>>. Acesso em: 11 set. 2005.

- FONTANA, G. Le cinque rose botaniche considerate le antenate delle rose attuali. **Vita in Campagna**, Verona, v. 6, p. 16, 1997.
- GILL, J. D., POGGE, F. L. *Rosa L.*, rose. SCHOPMEYER, C. S. (Ed.). **Seeds of woody plants in the United States**. Washington: Forest Service, p. 732-737, 1974.
- GUDIN, S. Rose breeding technologies. **Acta Horticulturae**, Wageningen, v. 547, p. 23-33, 2001.
- GUTERMAN, I.; SHALIT M.; MENDA, N.; PIESTUN, D.; DAFNY-YELIN, M.; SHALEV, G.; AT BAR, E.; DAVYDOV, O.; OVADIS, M.; EMANUEL, M.; WANG, J.; ADAM, Z.; PICHESKY, E.; LEWINSOHN, E.; ZAMIR, D.; VAINSTEIN, A.; WEISS, D. Rose scent: genomics approach to discovering novel floral fragrance-related genes. **The Plant Cell**, Rockville, v. 14, n. 10, p. 2.325-2.338, 2002.
- HARKNESS, P. **The rose: an illustrated history**. London: Firefly, 2003. 344 p.
- HINZ, P. A.; SCHULZ, B. **Romantic roses**. Köln: Taschen, 2002. 192 p.
- HISTORY OF ROSES. Disponível em: <<http://www.vivelarose.com/index.asp?pgid=33>>. Acesso em: 23 nov. 2005.
- HOOG, J. (Org). **Handbook for modern greenhouse rose cultivation**. Wageningen: Applied Plant Research, 2001. 220 p.
- JOLY, A. B. **Botânica: introdução à taxonomia vegetal**. São Paulo: Ed. Nacional, 1998. 777 p.
- KÄMPF, A. N. A Floricultura brasileira em números. **Revista Brasileira de Horticultura Ornamental**, Campinas, v. 3, n. 1, p. 1-7, 1997.
- KEVILLE, K.; GREEN, M. **Aromatherapy: a complete guide to the healing art**. Freedom: The Crossing, 1995. 158 p.
- KIYUNA, I.; ÂNGELO, J. A.; COELHO, P. J. **Floricultura: desempenho do comércio exterior no primeiro trimestre de 2005**. São Paulo: Instituto de Economia Agrícola, 2005. Disponível em: <<http://www.iea.sp.gov.br/out/verTexto.php?codTexto=2206>>. Acesso em: 5 set. 2005.
- LORD, T. **Designing with roses**. Australia: Bookwise, 1999. 192 p.
- MA, Y.; ISLAM-FARID, M. N.; CRANE, C. F.; JI, Y.; STELLY, D. M.; PRICE, H. J.; BYRNE, D. H. Brief communication: In situ hybridization of ribosomal DNA to rose chromosomes. **The Journal of Heredity**, Oxford, v. 88, n. 2, p. 158-161, 1997.
- MALITZ, J. **Plants for the future: a gardener's wishbook**. Portland: Timber, 1996. 224 p.
- MATTOCK, J. **The complete book of roses**. England: Ward Lock, 1995. 240 p.
- MAUSETH, J. D. **Botany: an introduction to plant biology**. Philadelphia: Saunders College, 1995. 794 p.
- MEYER, S. E. *Rosa L.* Woody plant seed manual. 1974. p. 1-11. Disponível em: <<http://www.nsl.fs.fed.us/wpsm/Rosa.pdf>>. Acesso em: 28 ago. 2005.
- MEYNET, J. Les rosiers cultivés, une très longue histoire d'exploitation de la biodiversité seulement pour de plaisir et l'art de vivre. In: PERCHEC, S.; GUY, P.; FRAVAL, A. (Coord.) **Agriculture et biodiversité des plantes**. Paris: INRA, 2001. p. 112-118.
- MOTOS, J. R.; PACHECO, M. M. Mercado internacional de flor y verdes de corte. **Revista Horticultura**, Tarragona, n. 181, p. 32-36, 2004.
- NEUMEYER, D. **Species and groups ploidy list**. Disponível em: <<http://www.rdrop.com/~paul>>. Acesso em: 10 set. 2005.

- NOVARO, N. Breeders rights and Brazilian roses. **FloraCulture International**, Batavia, v. 15, n. 4, p. 32, 2005.
- OPHARDT, M. **Roses with ancient roots**. Disponível em: <<http://archive.tricityherald.com/HOME/GARDEN/garden4.html>>. Acesso em: 10 set. 2005.
- PADULA, A. D.; KÄMPF, A. N.; SLONGO, L. A. (Coord.) **Diagnóstico da cadeia produtiva de flores e plantas ornamentais no Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: Sebrae-RS, 2003. 159 p.
- PEROSA, J. M. Y. Competitividade do Brasil no mercado internacional de flores e plantas ornamentais. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON AGRI-FOOD CHAIN/NETWORKS, ECONOMICS AND MANAGEMENT, 3., 2001, Ribeirão Preto. **Anais...** Ribeirão Preto: PENSA-USP, 2001. p. 1-11.
- PETRY, C. **Plantas ornamentais**: aspectos para a produção. Passo Fundo: Ed. Universitária, 2000. 155 p.
- PHILLIPS, R.; RIX, M. **Best rose guide**: a comprehensive selection. New York: Firefly, 2004. 288 p.
- RAJAPAKSE, S. Gene map speeds selection of commercial traits. **FlowerTECH**, Doetinchem, v. 4, n. 4, p. 24-27, 2001.
- REDDELL, R. C. **The rose bible**. New York: Harmony, 1998. 252 p.
- REITZ, R. **Rosáceas**. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues, 1996. 135 p. (Flora Ilustrada Catarinense).
- RITZ, C. M.; SCHMUTHS, H.; WISSERMANN, V. Evolution by reticulation: European dogroses originated by multiple hybridization across the genus *Rosa*. **The Journal of Heredity**, Oxford, v. 96, n. 1, p. 4-14, 2005.
- ROSAS. São Paulo: Abril, 1994. 96 p.
- ROUT, G. L.; SAMANTARAY, S.; MOTTLEY, J.; DAS, P. Biotechnology of the rose: a review of recent progress. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 81, p. 201-228, 1999.
- SALINGER, J. P. **Commercial flower growing**. New Zealand: Butterworths, 1985. 268 p.
- SANTOS, J. M.; BARBOSA, J. G.; CECON, P. R.; BRUCKNER, C. H. Análise da produção de matéria fresca e número de botões florais em duas variedades de roseira, em função de tipos de poda. **Revista Brasileira de Horticultura Ornamental**, Campinas, v. 7, n. 2, p. 89-94. 2001.
- SCHINZ, M. **Visions of paradise**. New York: Stewart Tabori, 1997. 272 p.
- SEBRAE. **Cultivo de rosas**. Belo Horizonte, 2005. 53 p.
- SILVA, C. **Rosas gigantes ganham mercado externo**. Disponível em : <http://www.sebrae-sc.com.br/novos_destaque/opportunidade/mostrar_materia.asp?cd_noticia=10136>. Acesso em: 11 abr. 2006.
- SMITH, R. A. **Roses**. Disponível em: <<http://rodsgarden.50megs.com/roses.htm>>. Acesso em: 23 jan. 2006.
- SINCLAIR, A.; THODEY, R. **Gardening with old roses**: a New Zealand guide. Auckland: Godwit, 1993. 187 p.
- SQUIRE, D., NEWDIDICK, J. **The book of the rose**. New York: Crescent Books, 1991. 160 p.
- STACK, G. **Our rose garden**. Disponível em: <<http://www.urbanext.uiuc.edu/roses/history.html>>. Acesso em: 27 fev. 2006.
- STARR, J. R., BRUNEAU, A. Phylogeny of *Rosa* L. (Rosaceae) based on *trnL-F* intron and spacer sequences. In: BOTANY 2002: Botany in the curriculum: integrating research and teaching. ASPT Colloquium: Rosaceae Phylogeny. Wisconsin: University of Wisconsin, 2002. Disponível em: <<http://www.2002.botanyconference.org/sympos13/abstracts>>. Acesso em: 10 set. 2005.

STUMPF, E. R. T. **Floricultura regional e potencialidade ornamental de plantas nativas do sul do Rio Grande do Sul**. Pelotas, 2007. 157 f. Tese (Doutorado em Ciências) – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

TABASSUM, R.; GHAFFOR, A.; WASEEM, K.; NADEEM, A. Evaluation of rose cultivars as cut flower production. **Asian Journal of Plant Sciences**, Faisalabad, v. 1, n. 6, p. 668-669, 2002.

TARBOURIECH, M. F. Des églantiers et des roses. In: PERCHEC, S.; GUY, P.; FRAVAL, A. (Coord.). **Agriculture et biodiversité des plantes: dossiers de l'environnement de l'INRA**. Paris: INRA, 2001. p. 119-124.

TOMÉ, L. M. **Avaliação do desempenho logístico-operacional de empresas no setor da Floricultura: um estudo de caso no Ceará**. 2004. 163 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia de Transportes) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza.

UGGLA, M. **Domestication of wild rose for fruit production**. Alnarp: Swedish University of Agricultural Sciences, 2004. 34 p.

VERMEULEN, N. **La enciclopedia de las rosas**. Madrid: Ed. LIBSA, 2004. 320p.

WERLEMARK, G.; UGGLA, M.; NYBOM, H. Morphological and RAPD markers show a highly skewed distribution in a pair of reciprocal crosses between hemisexual dogrose species, *Rosa* sect. *Caninae*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 98, n. 3-4, p. 557-563, 1999.

WISSERMANN, V.; RITZ, C. M. The genus *Rosa* (Rosoideae, Rosaceae) revisited: molecular analysis of nrITS-1 and atpB-*rbcL* intergenic spacer (IGS) versus conventional taxonomy. **Botanical Journal of the Linnean Society**, London, v. 147, n. 3, p. 275, 2005.

ZUKER, A.; TZFIRA, T.; VAINSTEIN, A. Cut-flower improvement using genetic engineering. **Biotechnology Advances**, Amsterdam, v. 16, p. 33-79, 1998.



Soja

Uma história de sucesso

Foto: Rosa Lía Barbieri



Soja

Cláudia Erna Lange

Entre as leguminosas produtoras de grãos, a soja é a mais importante em termos de produção mundial e de comércio internacional. Na safra 2005–2006, foram cultivados 92,79 milhões de hectares, que produziram 221,80 milhões de toneladas de soja. Os principais produtores mundiais são os Estados Unidos da América, o Brasil, a Argentina, a China, a Índia, o Canadá e a Bolívia, com, respectivamente, 37,9 %, 25,5 %, 18,3 %, 8,3 %, 2,7 %, 1,8 %, 1,4 % e 0,9 % da produção total. Os demais países produziram individualmente menos que 1 milhão de toneladas (ESTADOS UNIDOS, 2006b).

A semente de soja é única em relação à acumulação de altos níveis tanto de óleo quanto de proteína. Em média, uma semente de soja contém, em relação ao seu peso, 20 % de óleo e 40 % de proteína (FEHR, 1987). Ademais, a fração protéica é completa para a nutrição animal e humana, pois contém todos os oito aminoácidos essenciais. Essas qualidades foram determinantes para que a soja se tornasse primeiramente um alimento-chave para os povos

asiáticos e, posteriormente, a principal fonte de proteína e óleo de origem vegetal no mundo. Além do seu uso direto ou em forma processada na nutrição humana e animal, a soja vem sendo empregada na síntese dos mais diversos produtos, como biodiesel, tintas para impressoras e supressores de poeira no transporte de grãos, o que amplia o espectro de usos e, conseqüentemente, a demanda por sua produção.

Taxonomia

A soja (*Glycine max* Merr.) pertence à família Fabaceae Lindl. – antiga Leguminosae – (ESTADOS UNIDOS, 2006a), que compreende mais de 18 mil espécies classificadas em mais de 670 gêneros (POLHILL et al., 1981, citados por GRAHAM; VANCE, 2003). A soja é uma espécie oleaginosa e é classificada dentro da subfamília Faboideae, tribo Phaseoleae, subtribo Glycininae, gênero *Glycine*. A tribo Phaseoleae é a mais importante da família, do ponto de vista econômico, e inclui outras culturas de destacada relevância, como o feijão, a ervilha, o amendoim e o grão de bico.

A filogenia da subtribo Glycininae segue sob investigação, e estudos com marcadores moleculares indicam a necessidade de incorporar gêneros de outras subtribos para que se torne monofilética (LEE; HYMOWITZ, 2001). O gênero *Glycine* também vem sendo objeto de estudo, e profundas revisões foram operadas desde a década de 1960, resultando em alterações no número de subgêneros e de espécies. Na Tabela 1 são listadas as espécies atualmente reconhecidas como pertencentes ao gênero *Glycine*, distribuídas nos subgêneros *Glycine* e *Soja* (Moench) F. J. Herm. O subgênero *Glycine* é composto de espécies perenes, enquanto no subgênero *Soja* há duas espécies anuais: *G. max*, a soja cultivada, e *G. soja*, a soja silvestre. Ambas as espécies são anuais, diplóides e com o mesmo número de cromossomos, e produzem descendentes férteis quando submetidas a cruzamento, constituindo uma mesma espécie biológica (HYMOWITZ, 1970). *G. soja* é considerada a espécie ancestral da soja cultivada.

Citogenética

Comparativamente a outras espécies da tribo Phaseoleae que têm o número de cromossomos $2n=20$ ou 22 , o gênero *Glycine*, que apresenta número de cromossomos de $2n=40$, foi considerado um paleopoliplóide desde os primeiros estudos citogenéticos realizados (STACEY et al., 2004). A soja apresenta número de cromossomos de $2n=40$, sendo que um cariótipo completo foi obtido por Singh e Hymowitz (1988), e está disponível para consultas (<http://www.cropscience.uiuc.edu/faculty/hymowitz/genlab/karyo.html>). Mais de 35 % do genoma é composto de heterocromatina, e 6 dos 20 braços curtos dos bivalentes são totalmente compostos de heterocromatina.

Estudos evolutivos e a análise do genoma haplóide sugerem que a soja é um antigo tetraplóide que sofreu um processo de diploidização (HADLEY; HYMOWITZ, 1973). Essa hipótese é reforçada pela existência de subgrupos de genes dentro de famílias de multigenes que são mais proximamente relacionados entre si (GRANDBASTIEN et al., 1986; NIELSE et al., 1989) pelo grande número de genes com duas ou mais cópias, pois menos de 10 % do genoma apresenta cópia única (SHOEMAKER et al., 1996; SHLUETER et al., 2004), e pela observação de duplicações agrupadas (SHOEMAKER et al., 1996). Essas constatações sugerem uma origem tetraplóide, em que parte do genoma sofreu um evento extra de duplicação ou múltiplos eventos de duplicação segmentar ocorreram. Tais eventos de duplicação, em diferentes momentos, seguidos por diploidização conferiram à soja um genoma heterogêneo com duplicações antigas e outras mais recentes.

A existência de genes com duas ou mais cópias pode explicar a grande diversidade genética da espécie, a qual apresenta 2 hábitos de crescimento (determinado e indeterminado), 22 tipos de estrutura de ramificação e 6 tipos morfológicos diferentes de folíolos. Essa grande variabilidade provavelmente beneficiou o processo de seleção durante a domesticação, permitindo, assim,

alterações profundas em características de interesse como o peso de semente, que aumentou de 0,5 g a 2,5 g por 100 sementes, que é o valor observado nos acessos de *G. soja*, para de 10 g a 20 g por 100 sementes na soja cultivada, e há genótipos extremos que exibem sementes com peso de até 50 g por 100 sementes (STACEY et al., 2004).

Dentro do subgênero *Glycine* há mais de 20 espécies perenes. Essas espécies são diplóides ($2n=40$), com aneuplóides ($2n=38$ e 78) e tetraplóides ocorrendo em *G. tomentella*, *G. tabacina* e *G. hirticaulis* (KOLLIPARA et al., 1997; SING et al., 1998), das quais *G. tabacina* e *G. tomentella* são neopoliplóides de origem muito recente (DOYLE et al., 2002). Há indícios de que os vários táxons do subgênero *Glycine* façam parte de um único grande complexo alopoliplóide, resultado de evolução reticulada, e com evidências de origem recorrente (DOYLE et al., 2004).

Distribuição

O gênero *Glycine* está distribuído na Ásia e na Oceania (Tabela 1). As espécies do subgênero *Glycine* ocorrem na Austrália, na Micronésia, na Melanésia, na Filipinas, em Taiwan e no sudeste da China (HYMOVITZ, 1970).

As plantas de *G. soja* apresentam hábito indeterminado e trepador, e crescem espontaneamente na Coreia, em Taiwan e no Japão. Na China, ocorre ao longo de todo o vale do Rio Yangtze, nas províncias do nordeste e nas áreas adjacentes à Mongólia e à Rússia (HYMOVITZ, 1970), das latitudes $52^{\circ}55'N$ até $24^{\circ}N$, podendo ser encontrada desde ao nível do mar até a 2.650 m de altitude, preferindo solos leves, quentes e com pH neutro. Normalmente, está presente em áreas ao longo de rios, córregos e lagos, mas também pode ser encontrada ao longo da costa, em solos salinos (XU, 1989). Dada a grande variação no ambiente de ocorrência da espécie, é esperada uma grande variabilidade genética para características vinculadas à adaptação

da espécie a ambientes extremos. Análises de marcadores moleculares do DNA mitocondrial e do cloroplasto encontraram maior diversidade entre os acessos provenientes do vale do Rio Yangtze, sugerindo ser este o centro de diversidade citoplasmática da soja silvestre (SHIMAMOTO et al., 1998) e, por conseguinte, um importante reservatório de recursos genéticos para o melhoramento da soja cultivada.

Tabela 1. Lista de espécies do gênero *Glycine* Willd., número cromossômico (2n), genoma e distribuição.

Espécie ⁽¹⁾ Subgênero <i>Glycine</i>	2n ⁽³⁾	Genoma ⁽²⁾	Distribuição ⁽¹⁾
1 <i>G. albicans</i> Tind. & Craven	40	II ⁽²⁾	Austrália
2 <i>G. aphyonata</i> B. E. Pfeil	–	–	Austrália
3 <i>G. arenaria</i> Tind.	40	HH ⁽²⁾	Austrália
4 <i>G. argyrea</i> Tind.	40	A ₂ A ₂	Austrália
5 <i>G. canescens</i> F. J. Herm.	40	AA	Austrália
6 <i>G. clandestina</i> J. C Wendl.	40	A ₁ A ₁	Austrália
7 <i>G. curvata</i> Tind.	40	C ₁ C ₁	Austrália
8 <i>G. cyrtoloba</i> Tind.	40	CC	Austrália
9 <i>G. dolichocarpa</i> Tateishi & H. Ohashi	–	–	Ásia Oriental, Taiwan
10 <i>G. falcata</i> Benth.	40	FF ⁽²⁾	Austrália
11 <i>G. hirticaulis</i> Tind. & Craven	40, 80	H1H1 ⁽²⁾	Austrália
12 <i>G. tabacina</i> (Labill.) Benth.	40, 80	B ₂ B ₂ , Complexo ⁽⁴⁾	China, Japão, Taiwan, Austrália, Micronésia, Ilhas Fidji, Nova Caledônia, Tonga, Varmatu
13 <i>G. lactovirens</i> Tind. & Craven	40	I1I1 ⁽²⁾	Austrália
14 <i>G. latifolia</i> (Benth.) C. A Newell & Hymowitz	40	B ₁ B ₁	Austrália
15 <i>G. latrobeana</i> (Meissn.) Benth.	40	A ₃ A ₃	Austrália
16 <i>G. microphylla</i> (Benth.) Tind.	40	BB	Austrália, Ilha Norfolk
17 <i>G. stenophita</i> B. E. Pfeil & Tind.	–	–	Austrália

Continua...

Tabela 1. Continuação.

Espécie ⁽¹⁾	2n ⁽³⁾	Genoma ⁽²⁾	Distribuição ⁽¹⁾
Subgênero <i>Glycine</i>			
18 <i>G. peratosa</i> B. E. Pfeil & Tind.	–	–	Austrália
19 <i>G. pescadrensis</i> Hayata	–	–	
20 <i>G. pindanica</i> Tind. & Craven	40	H2H2 ⁽²⁾	Austrália
21 <i>G. pullenii</i> B. E. Pfeil et al.	–	–	Austrália
22 <i>G. rubiginosa</i> Tind. & B. E. Pfeil	–	–	Austrália
23 <i>G. tomentella</i> Hayata	38, 40, 78, 80	EE, DD ⁽⁵⁾ , Complexo ⁽⁶⁾ , Complexo ⁽⁷⁾	China, Taiwan, Papua Nova Guiné, Filipinas, Austrália, Nova Caledônia
Subgênero <i>Soja</i> (Moench) F. J. Herm			
1 <i>Glycine max</i> (L.) Merrill <i>Dolichos soja</i> L. <i>Glycine gracilis</i> Skvortrov <i>Glycine hispida</i> (Moench) Maxim <i>Glycine hispida</i> var. <i>brunnea</i> Skortsov <i>Glycine hispida</i> var. <i>lutea</i> Skortsov <i>Glycine soja</i> (L.) Merrill <i>Phaseolus max</i> L. <i>Soja hispida</i> Moench <i>Soja max</i> (L.) Piper	40	GG	Soja cultivada
2 <i>Glycine soja</i> Siebold & Zucc <i>G. formosana</i> Hosok <i>G. max</i> subsp. <i>soja</i> (Siebold & Zucc.) H. Ohashi <i>G. ussuriensis</i>	40	GG	Rússia Oriental, China, Japão, Coreia, Taiwan

⁽¹⁾ USDA, ARS, National Genetic Resource Program.

⁽²⁾ Relações filogenéticas inferidas pela variação das seqüências de nucleotídeos das regiões internas de transcrição do DNA do ribossoma nuclear, segundo Kollipara et al. (1997).

⁽³⁾ Conforme Hymowitz (1995).

⁽⁴⁾ Alopoliplóides (genomas A e B) e alopoliplóide segmentar (genoma B).

⁽⁵⁾ Pelo menos três grupos.

⁽⁶⁾ Alopoliplóides (D e E, A e E, ou outras combinações ainda não conhecidas).

⁽⁷⁾ Alopoliplóides (A e D, ou outras combinações ainda não conhecidas).

Plantas silvestres morfológicamente intermediárias entre *G. max* e *G. soja* ocorrem freqüentemente, de forma espontânea, na China e na Coreia, onde há a coexistência de ambas

as espécies (ELSTRAND et al., 1999). No nordeste da China, ocorre um híbrido aparentemente estabilizado, associado à soja cultivada, que provavelmente evoluiu do cruzamento entre a soja cultivada e a soja selvagem. Inicialmente, esses acessos – que são morfológicamente intermediários entre *G. max* e *G. soja* e não apresentam barreiras sexuais que previnam o cruzamento com essas duas espécies – foram considerados como uma espécie à parte, denominada *G. gracilis* (HYMOVITZ, 1970). Avaliações posteriores mostraram que se tratava de *G. max*, embora fosse possível distinguir fenotipicamente os genótipos “*gracilis*” dos cultivados, tendo sido sugerida a denominação *Glycine max* forma *gracilis* (BROICH; PALMER, 1980). A caracterização com marcadores morfológicos, químicos e moleculares – *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP) – de acessos de *G. max* forma *gracilis* mostrou que estes apresentam uma mistura de alelos dos dois prováveis ancestrais (BROICH; PALMER, 1980; KEIM et al., 1989; CHEN; NELSON, 2004), confirmando o caráter híbrido. A freqüente presença de *G. max* forma *gracilis* na região da Manchúria é supostamente devida ao cultivo intenso de soja na região, um fenômeno relativamente recente na história da China (HYMOWITZ, 1970).

Pool gênico

De acordo com a definição de Harlan e Wet (1971), a soja cultivada apresenta pool genético primário e terciário. As espécies perenes do subgênero *Glycine*, que apresentam muitas características de interesse agrônomo para o melhoramento de soja (MCLEAN; BYTH, 1976; HYMOWITZ et al., 1986; HYMOWITZ et al., 1987; LIM; HYMOWITZ, 1987; LOUX et al., 1987; HART et al., 1991; HARTMAN et al., 1992; SCHOEN et al., 1992), compõem o pool gênico terciário da soja. Embora os subgêneros *Glycine* e *Soja* apresentem o mesmo número básico de cromossomos – os quais são semelhantes em tamanho –,

os esforços para introgridir genes de interesse têm sido limitados pela incompatibilidade sexual nos cruzamentos intersubgenéricos, do tipo pós-fertilização (NEWELL et al., 1987; CHUNG; KIM, 1990; COBLE; SCHAPAUGH, 1990), em que o embrião híbrido é abortado nos estágios primários de desenvolvimento em razão da degeneração do endosperma (PALMER; HADLEY, 1968; LADIZINSKY et al., 1979). O resgate dos embriões e o seu cultivo em meio nutritivo possibilitam desenvolver plantas híbridas, que, no entanto, não são naturalmente férteis. Essa técnica garantiu o sucesso no cruzamento entre a soja cultivada e quatro espécies do subgênero *Glycine*: *G. argyrea*, *G. clandestina*, *G. canescens* e *G. tomentella* ($2n=78, 80$). Entre essas espécies, *G. tomentella* parece ter maior compatibilidade para cruzamento com a soja que as demais espécies (NEWELL et al., 1987; BODANESE-ZANETTINI et al., 1996).

Contudo, as plantas híbridas desenvolvidas com a técnica de resgate de embriões são inférteis. A restauração da fertilidade é obtida pela duplicação do número de cromossomos, uma etapa longa e com baixa eficiência (SHOEMAKER et al., 1990) em que o sucesso depende das espécies parentais envolvidas (SINGH et al., 1995).

Durante anos, os cruzamentos intersubgenéricos não avançaram da fase de obtenção dos indivíduos anfidiplóides. Na década de 1990, Singh et al. (1990, 1993) produziram linhagens férteis de soja com $2n=40, 41, 42, 43$ e 44 cromossomos a partir de um anfidiplóide ($2n=118$, genoma GGDDEE) entre *G. max* (genoma GG) e *G. tomentella* ($2n=78$, genoma DDEE). O uso dessas linhas em programas de retrocruzamento demonstra que é possível realizar a introgressão de genes do pool gênico terciário para a soja (SINGH et al., 1998).

O pool gênico primário da soja é composto pelo subgênero *Soja*. Uma série de experimentos de cruzamentos entre *G. max* e *G. soja* provou que essas duas espécies não apresentam barreiras genéticas, sendo consideradas a mesma espécie biológica. Nesses experimentos foi demonstrado

que os números cromossômicos diplóide e haplóide das duas espécies e dos híbridos gerados eram 40 e 20, respectivamente; que ambas as espécies apresentam cromossomos de tamanho similar; que os híbridos interespecíficos gerados são férteis, assim como os seus descendentes; que a herança dos caracteres quantitativos e qualitativos nos híbridos interespecíficos e em sua descendência segue o mesmo padrão de herança observado nos cruzamentos entre variedades de *G. max*. Essas evidências levaram à conclusão de que as duas formas pertencem à mesma espécie biológica e que *G. max* derivou de *G. soja* por meio do acúmulo de alelos mutantes que afetam tanto caracteres quantitativos como qualitativos, porém sem mudanças cromossômicas (HYMOVITZ, 1970). Evidências de diversos estudos, que incluem análise de fitoalexinas, do DNA das mitocôndrias e dos cloroplastos, e do RNA ribossomal, dão suporte à hipótese de que *G. soja* é o ancestral silvestre da soja cultivada (DOYLE; BEACHY, 1985; KEEN et al., 1986; SHOEMAKER et al., 1986; DOYLE, 1988).

Apesar da facilidade de cruzamento, o aproveitamento de *G. soja* no melhoramento da soja cultivada é inexpressivo, principalmente por causa da presença de características agronômicas inaceitáveis, como deiscência dos legumes antes da maturação completa, arquitetura de planta inadequada à colheita mecânica e semente muito menor do que as dos genótipos cultivados (CHEN; NELSON, 2004). Recentemente, porém, aumentaram os esforços em conhecer e conservar os genótipos de *G. soja*, motivados pelo risco de erosão genética em razão da ocupação, pela expansão urbana e pela agricultura comercial, de áreas em que ocorrem espontaneamente.

A China detém mais de 90 % dos recursos genéticos de *G. soja* (XU, 1989). Estudos indicam que a diversidade entre acessos silvestres chineses e japoneses é dependente da distribuição geográfica (XU; GAI, 2003; KURODA et al., 2006), reflexo da grande variação das condições de ambiente

em que a espécie é distribuída (XU, 1989) e do isolamento geográfico, resultante da dispersão da semente a curta distância e da autofecundação (KURODA et al., 2006).

As variedades locais (*landraces*) desenvolvidas durante séculos de cultivo de soja na Ásia representam um reservatório potencial de variabilidade genética para o melhoramento de soja. Na China, há mais de 23 mil acessos cultivados nas coleções, os quais são classificados em cinco ecótipos (XIE et al., 2003). Estudos indicam que a diversidade dos acessos cultivados na China e no Japão apresenta uma extensiva diferenciação geográfica (XIE et al., 2003; XU; GAI, 2003), conseqüência da ampla variação de ambientes de cultivo e finalidades de usos a que a soja foi submetida por, aproximadamente, 4 mil anos de cultivo, e que resultou no desenvolvimento dos genótipos locais, formando uma série de pools genéticos isolados (ABE et al., 2003).

Origem

Evidências históricas e geográficas indicam que a soja surgiu como uma espécie domesticada na metade leste do norte da China, em torno do século 11 a.C. Essa região engloba toda a província de Shantung e uma grande área das províncias vizinhas (Honan, Hopei, Kiangsu e Anhwei). As províncias Heilongjiang, Jilin e Liaoning (Manchúria), localizadas na porção mais ao norte da China, formam um segundo centro genético (centro de diversificação) (HYMOVITZ, 1970). Atualmente, a produção de soja na China está concentrada na região nordeste. Apenas a província de Heilongjiang é responsável por 30 % da produção total de soja na China (AGRICULTURE AND AGRI-FOOD CANADA, 2002). A soja silvestre *G. soja* é encontrada em ambas as regiões, enquanto *G. max* forma *gracilis* é mais freqüentemente observada na Manchúria, e sua maior presença nessa porção da China é explicada

pelo cultivo intenso de soja nessa região, o que aumenta a probabilidade da ocorrência de cruzamentos entre a espécie cultivada e a silvestre (HYMOVITZ, 1970).

Outro centro de diversificação da soja é formado por Japão, Tailândia, Vietnã, Malásia, Burma, Nepal e norte da Índia, onde a soja foi introduzida durante os primeiros séculos depois de Cristo, e se estabeleceu como uma cultura de grande relevância para a alimentação desses povos (HYMOWITZ, 1990).

História

O processo de domesticação da soja provavelmente ocorreu no período compreendido entre os séculos 17 a.C. e 11 a.C., durante a dinastia Shang, na região centro-leste do norte da China (HYMOWITZ, 1990). A expansão da soja no território chinês acompanhou o desenvolvimento, a consolidação dos territórios e a degeneração das dinastias chinesas. No século 1 d.C., a soja já havia atingido a região central e sul da China, e também a península coreana. Nos séculos que se seguiram até o período das grandes descobertas, nos séculos 15 e 16, a soja já havia sido introduzida no Japão, na Indonésia, nas Filipinas, no Vietnã, na Tailândia, na Malásia, em Burma, no Nepal e no norte da Índia, onde muitas variedades locais foram desenvolvidas com características específicas de adaptação para as condições locais de cultivo e para atender os interesses locais de uso e processamento. O sucesso da expansão da cultura nesse período deveu-se ao estabelecimento de rotas de comércio – tanto terrestres quanto marítimas –, ao processo de emigração de tribos da China e à rápida aceitação da soja como alimento-base por outros povos, assumindo papel fundamental na nutrição das populações, que desenvolveram inúmeras formas de preparação. Um dos principais produtos da soja, o molho de soja, passou a ser um item comum do comércio do Oriente para o Ocidente no século 17. Os registros de introdução da soja

na Europa datam do século 18, basicamente para fins de estudos taxonômicos e para exposição pública. Na Croácia, no entanto, passou logo a ser empregada na alimentação de aves poedeiras (HYMOWITZ, 1990).

A expansão da cultura da soja no mundo, iniciada nos Estados Unidos, foi impulsionada pelo interesse no aproveitamento do grão na alimentação animal no final do século 19, e suportada por pesquisas agrônomicas que estabeleceram as bases do manejo da cultura (HYMOWITZ, 1990; SMITH, 2006).

Nos Estados Unidos, o primeiro registro de introdução data de 1765. Durante os 155 anos que se seguiram, a soja foi cultivada basicamente para a produção de feno na alimentação de animais. A partir da década de 1920, a cultura passou a adquirir o status de produtora de grãos, fato que foi consolidado no ano de 1941, quando, pela primeira vez na história americana, a área colhida para grãos suplantou a área cultivada para outros fins (HYMOWITZ, 1990).

A produção americana de grãos de soja expandiu durante a Segunda Guerra Mundial e nas duas décadas que a seguiram, quando o óleo de soja substituiu o uso de gorduras importadas de origem animal e vegetal. O farelo rico em proteína passou a ser empregado na alimentação animal – contribuindo para o aumento da sua produção – e também na alimentação humana na Europa do pós-guerra e em países do terceiro mundo. Atualmente, a soja é empregada no arraçamento de animais para produção de ovos, carne e leite, em inúmeros produtos da alimentação humana e em distintos produtos manufaturados, como combustível (biodiesel), tinta para impressão e inibidores da formação de poeira para elevadores de grãos.

No Brasil, a primeira referência do cultivo data de 1882, quando são relatadas experiências com variedades no Estado da Bahia (VERNETTI, 1983). A grande expansão do cultivo ocorreu apenas no final da década de 1960, quando

a soja passou a ser um produto de interesse comercial pela demanda por seu farelo, dada a expansão da suinocultura e da avicultura comercial, e por representar uma ótima opção de sucessão de verão no sistema de produção de trigo. Nesse período, a soja era cultivada preferencialmente nos estados do Sul do País, que se localizam em latitudes maiores e onde, em razão do fotoperíodo, as variedades americanas introduzidas adaptavam-se.

Com a grande valorização do preço internacional da soja em meados de 1970, associada à vantagem competitiva do Brasil – que obtinha melhores preços por comercializar a safra na entressafra americana –, houve grande interesse em expandir o cultivo. A expansão da área foi possível mediante um bem-sucedido programa de melhoramento genético da cultura, que introduziu a característica de período juvenil longo nas novas variedades. Tal mudança levou à tropicalização da soja, expandindo as fronteiras de cultivo para regiões de latitude baixa. O desenvolvimento de variedades com período juvenil longo foi o marco inicial de um processo que, juntamente com o desenvolvimento de práticas de manejo próprias para aquelas condições de ambiente, permitiu cultivar soja com sucesso em uma extensa área anteriormente considerada marginal. Essa conquista dos cientistas brasileiros revolucionou a história mundial da soja, e seu impacto começou a ser notado pelo mercado a partir do final da década de 1980 e, mais notoriamente, na década de 1990, quando os preços do grão começaram a cair (EMBRAPA SOJA, 2006).

História do melhoramento

Um dos fatores determinantes para o sucesso do cultivo da soja nos Estados Unidos nas primeiras décadas do século passado foi o desenvolvimento de cultivares pelo melhoramento público e privado, a partir da introdução de germoplasma da China, do Japão e da Coreia entre os anos de 1924 e 1931. No período que se seguiu, os

programas de melhoramento americanos passaram a obter novas cultivares por meio do cruzamento entre genótipos-elite, os quais descendiam de um conjunto restrito de ancestrais (HYMOWITZ, 1990). Foram obtidos importantes avanços genéticos em muitas características agronômicas, entre elas o incremento do rendimento de grãos, o aumento da resistência a estresses bióticos e abióticos (BOERMA, 1979; SPECHT; WILLIAMS, 1984; USTON et al., 2001).

Paulatinamente, o emprego de introduções na formação das populações segregantes foi sendo desestimulado nos programas de melhoramento, uma vez que a participação de introduções como genitores geralmente reduz o rendimento médio e baixa a frequência de linhas com características agronômicas desejáveis (VELLO et al., 1984; ININDA et al., 1996). No entanto, o cruzamento sistemático de genótipos-elite na obtenção de novas cultivares teve um impacto negativo na diversidade dos programas. Apenas seis ancestrais contribuíram com 50 % da base genética das cultivares norte-americanas (DELANNAY et al., 1983; GIZLICE et al., 1994), sendo que, entre as cultivares mais recentes, há genótipos com grau de parentesco equivalente ao de meio-irmãos (GIZLICE et al., 1993). Um agravante dessa situação está no fato de que a maioria desses ancestrais é de introduções oriundas de uma mesma área geográfica (DELANNAY et al., 1983).

A avaliação de pedigree das variedades desenvolvidas na Índia e na América Latina demonstra que os programas de melhoramento desses países se originaram a partir de uma amostra do germoplasma americano (BONETTI, 1983; HIROMOTO; VELLO, 1986), apresentando diversidade ainda menor do que a do programa americano (CARTER et al., 2004). No caso das cultivares sul-americanas, 94 % da base genética foi constituída a partir de somente 17 ancestrais (DELANNAY et al., 1983; GIZLICE et al., 1994).

A reduzida base genética das cultivares ocidentais ameaça a manutenção da taxa de progresso genético dos programas

de melhoramento e impõe o risco de quebra de safra por epidemias de doenças ou de pragas, dada a grande extensão do cultivo de soja e a uniformidade das variedades.

Por outro lado, programas de melhoramento de soja da Ásia, conduzidos quase completamente independentes dos programas ocidentais, adotaram como estratégia na formação de populações segregantes evitar o cruzamento entre genitores aparentados, introduzindo, continuamente, germoplasma novo (CUI et al., 2000; ZHOU et al., 2000). A introdução de genótipos-elite dos programas orientais como genitores poderá aumentar a base genética dos programas ocidentais sem incorrer em um retrocesso dos avanços agronômicos conquistados (UDE et al., 2003).

Perspectivas futuras

Como a soja é a principal fonte vegetal de proteína e de óleo para a nutrição humana e animal, a demanda pelo grão continuará crescendo nas próximas décadas, acompanhando o crescimento da população mundial. Além do uso já tradicional como fonte de óleo comestível, o consumo humano de soja vem aumentando, impulsionado pelo apelo por uma alimentação mais saudável e por ser a única fonte significativa na dieta humana de isoflavona – componente associado a muitos benefícios à saúde, como prevenção ao câncer e redução dos sintomas da menopausa (AMERICAN SOYBEAN ASSOCIATION, 2006). O crescimento e a diversificação do mercado de alimentos à base de soja deverão ser acompanhados pelo desenvolvimento de cultivares próprias para os usos específicos e com diferentes perfis de óleo para contemplar a ampla gama de aproveitamento deste.

Também é esperado o aumento da demanda pelo grão, em decorrência da diversificação de produtos sintetizados a partir da soja. A ampliação do uso industrial da soja adicionará uma nova dimensão ao melhoramento genético da cultura, que deverá criar variedades cujas características

do grão beneficiem seu aproveitamento nesses novos nichos de mercado.

Paralelamente às novas demandas impostas pelo uso industrial da soja, o melhoramento genético deverá persistir no aprimoramento das características – já tradicionalmente enfocadas – de aumento do rendimento de grãos e de resistência a pragas, a moléstias e a estresses abióticos. O aprimoramento dessas características continua exercendo um papel fundamental para garantir o suprimento da crescente demanda mundial pelo grão de soja, ao mesmo tempo em que possibilitará avançar o cultivo da espécie em ambientes menos favoráveis e reduzir o impacto do cultivo sobre o meio ambiente.

O aumento do número de linhas de pesquisa dos programas de melhoramento da soja implica intensificar a exploração do germoplasma disponível em busca de variabilidade. As espécies relacionadas do gênero *Glycine*, ainda pouco aproveitadas em termos de melhoramento, deverão assumir um papel relevante nesse cenário. Um melhor entendimento da variabilidade e da estrutura das populações dessas espécies pode ajudar na tomada de decisões acertadas para a conservação de germoplasma, eliminando a manutenção de acessos redundantes e garantindo que a variação para características importantes seja preservada. Esse aspecto é particularmente importante para o melhoramento da soja, que dispõe de poucas opções – no que se refere ao número de espécies aparentadas – de aproveitamento de variabilidade, sendo imperativo fazer o melhor uso possível de todos os recursos genéticos disponíveis.

Nas coleções de soja cultivada e silvestre do mundo inteiro, há uma ampla variação de características genéticas, a qual é subaproveitada como fonte de germoplasma por pertencer a indivíduos fenotipicamente muito distantes em relação aos genótipos cultivados, determinando uma taxa muito baixa de recuperação de genótipos de interesse para cultivo comercial. O grande desafio do aproveitamento de genes de interesse, principalmente os que determinam

características quantitativas, é introduzi-los no germoplasma-elite sem perder os padrões agronômicos já alcançados. O maior aproveitamento de genótipos silvestres e de *landraces* no melhoramento genético da soja pode ser viabilizado com metodologias que garantam a introgressão de genes ou de segmentos cromossômicos, sem que haja a redução do desempenho agronômico nas demais características (BERNACCHI et al., 1998; ZAMIR, 2001).

Além do pool gênico primário, a soja dispõe ainda de um pool gênico terciário, composto pelas espécies perenes do gênero, cuja exploração para o melhoramento comercial ainda não foi efetivada, embora o interesse persista. Essas espécies representam um reservatório de genes de grande importância econômica para a cultura da soja, como resistência à ferrugem-asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) (HARTMAN et al., 1992; SCHOEN et al., 1992), à podridão-branca-da-haste (*Sclerotinia sclerotiorum*), à podridão-vermelha-da-raiz (*Fusarium solani*) (HARTMAN et al., 2000) e à mancha-angular (*Septoria glycines*) (LIM; HYMOWITZ, 1987); tolerância à salinidade (HYMOWITZ; WOOLLEY, 1987) e a certos herbicidas, como 2,4-D (HART et al., 1991) e glyphosato (LOUX et al., 1987); habilidade de regenerar plantas a partir de cultura de células e tecidos (HYMOWITZ et al., 1986); e resistência a pragas (WU et al., 2004). A produção de híbridos intersubgenéricos no gênero *Glycine* é rara se comparada com a obtenção de híbridos interespecíficos em cereais, e a superação das barreiras genéticas entre as espécies perenes e a soja cultivada permitirá usufruir um grande reservatório de genes úteis para o cultivo comercial da soja.

Recentemente, a obtenção de linhagens monossômicas de adição férteis do cruzamento entre *G. max* e *G. tomentella* (SINGH et al., 1990, 1993, 1995) representa um grande avanço no sentido do uso das espécies do pool gênico terciário como doadoras de genes de interesse agronômico e comercial para a soja. O desenvolvimento de marcadores moleculares distintos para as duas espécies representa uma ferramenta facilitadora na introgressão dos genes de interesse para a soja cultivada (ZOU et al., 2004).

Referências

ABE, J.; XU, D.; SUZUKI, Y.; KANAZAWA, A.; SHIMAMOTO, Y. Soybean germplasm pools in Asia revealed by nuclear SSRs. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 106, n. 3, p. 445-453, 2003.

AGRICULTURE AND AGRI-FOOD CANADA. **China's Vegetable Oil Industry**. 2002. Disponível em: <<http://atn-riae.agr.ca/asia/e3282.htm>>. Acesso em: 29 maio 2006.

AMERICAN SOYBEAN ASSOCIATION. **Nutrition and health: benefits of soy protein**. Disponível em: <<http://www.asa-europe.org/SoyInfo/nutrition.htm>>. Acesso em: 25 maio 2006.

BERNACCHI, D.; BECK-BUNN, T.; EMMATTY, D.; ESHED, Y.; INAI, S.; LOPEZ, J.; PETIARD, V.; SAYAMA, H.; UHLIG, J.; ZAMIR, D.; TANKSLEY, S. Advanced backcross QTL analysis of tomato. II. Evaluation of near-isogenic lines carrying single-donor introgressions for desirable wild QTL-alleles derived from *Lycopersicon hirsutum* and *L. pimpinellifolium*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, n. 1-2, p. 170-180, 1998.

BODANESE-ZANETTINI, M. H.; LAUXEN, M. S.; RICHTER, S. N.; CAVALLA-MOLINA, S.; LANGE, C. E.; WNAG, P. J.; HU, C. Y. Wide hybridization between Brazilian soybean cultivar and wild perennial relatives. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 93, p. 703-709, 1996.

BOERMA, H. R. Comparison of past recently developed soybean cultivars in maturity groups VI, VII and VIII. **Crop Science**, Madison, v. 19, p. 611-613, 1979.

BONETTI, L. P. Cultivares e seu melhoramento genético. In: VERNETTI, F. J. **Soja: genética e melhoramento**. Campinas: Fundação Cargill, 1983. p. 741-800.

BROICH, S. L.; PALMER, R. G. A cluster analysis of wild and domesticated soybean phenotypes. **Euphytica**, Wageningen, v. 29, p. 23-32, 1980.

BROICH, S. L.; PALMER, R.G. Evolutionary studies of the soybean: the frequency and distribution of alleles among collections of *Glycine max* and *G. soja* of various origin. **Euphytica**, Wageningen, v. 30, p. 55-64, 1981.

BROUÉ, P.; DOUGLASS, J.; GRACE, J. P.; MARSHALL, D. R. Interspecific hybridization of soybean and perennial Glycines species indigenous to Australia via embryo culture. **Euphytica**, Wageningen, v. 31, n. 3, p. 715-724, 1982.

CARTER JUNIOR., T. E.; HYMOWITZ, T. E.; NELSON, R. L. Biogeography, local adaptation, Vavilov, and genetic diversity in soybean. In: WERNER, D. (Ed.). **Biological Resources and Migration**. Berlin: Springer, 2004. p. 47-59. Disponível em: <http://www.ars.usda.gov/research/publications/publications.htm?SEQ_NO_115=156050>. Acesso em: 18 abr. 2006.

CHEN, Y.; NELSON, R. L. Genetic variation and relationship among cultivated, wild, and semiwild soybean. **Crop Science**, Madison, v. 44, p. 316-328, 2004.

CHUNG, G. H.; KIM, J. H. Production of interspecific hybrids between *Glycine max* and *G. tomentella* through embryo culture. **Euphytica**, Wageningen, v. 48, p. 97-110, 1990.

COBLE, C. J.; SCHAPPAUGH, W. T. J. Nutrient culture medium components affecting plant recovery from immature embryos of three *Glycine* genotypes and an interespecific hybrid grown *in vitro*. **Euphytica**, Wageningen, v. 50, p. 127-133, 1990.

CUI, Z.; CARTER JUNIOR., T. E.; BURTON, J. W. Genetic diversity patterns in Chinese soybean cultivars based on coefficient of parentage. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 1.780-1.793, 2000.

DELANNAY, D. M.; RODGERS, D. M.; PALMER, R. G. Relative genetic contribution among ancestral lines to North American soybean cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 23, p. 944-949, 1983.

DOYLE, J. J.; BEACHY, R. N. Ribosomal gene variation in soybean (*Glycine*) and its wild relatives. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 70, p. 369-376, 1985.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L.; BROWN, A. H. D. et al. Genomes, multiple origins, and lineage recombination in the *Glycine tomentella* (Leguminosae) polyploid complex: histone H3-D gene sequences. **Evolution**, Lawrence, v. 56, p. 1.388-1.402, 2002.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L.; RAUSCHER, J. T.; BROWN, A. H. D. Diploid and polyploidy reticulate evolution throughout the history of perennial soybeans (*Glycine* subgenus *Glycine*). **New Phytologist**, Cambridge, v. 161, n. 1, p. 121-132, 2004.

DOYLE, J. J.; 5S ribosomal gene variation in the soybean and its progenitor. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 75, p. 621-624, 1988.

ELLSTRAND, N. C.; PRENTICE, H. C.; HANCOCK, J. F. Gene flow and introgression from domesticated plants into their wild relatives. **Annual Reviews of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 30, p. 539-563, 1999.

EMBRAPA SOJA. **Soja**: histórico no Brasil. Disponível em: <http://w.w.w.cnpso.embrapa.br/index.php?op_page=113&cod_pai=35>. Acesso em: 22 maio 2006.

ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. Agricultural Research Service. National Genetic Resources Program. Germplasm Resources Network. Disponível em: <<http://www.ars-grin.gov2/cgi-bin/npgs/html/index.pl?language=pt>>. Acesso em: 9 maio 2006a.

ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. Foreign Agricultural Service. **Soybean area, yield and production**. Disponível em: <http://www.fas.usda.gov/psd/complete_table/OIL-table11-184.htm>. Acesso em: 24 maio 2006b.

FEHR, W. R. Soybean. In: FEHR, W. R. (Ed.). **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987. p. 533-576.

GIZLICE Z.; CARTER JUNIOR, T. E.; BURTON, J. W. Genetic base for North American public soybean cultivars released between 1947 and 1988. **Crop Science**, Madison, v. 34, p. 1.143-1.151, 1994.

GIZLICE, Z.; CARTER JUNIOR, T. E.; BURTON, J. W. Genetic diversity in North American soybeans: I. Multivariate analysis of founding stock and relation to coefficient of parentage. **Crop Science**, Madison, v. 33, p. 614-620, 1993.

GRAHAM, P. H.; VANCE, C. P. Legumes: importance and constraints to greater use. **Plant Physiology**, Minneapolis, v. 131, p. 872-877, 2003.

GRANDBASTIEN, M. A.; BERRY-LOWE, S.; SHIRLEY, B. W.; MEAGHER, R. B. Two soybean ribulose-1,5-biphosphate carboxylase small subunit genes share extensive homology even in distance flanking sequences. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 7, p. 451-465, 1986.

HADLEY, H. H.; HYMOWITZ, T. Speciation and cytogenetics. In: CALDWELL, B. E. (Ed.). **Soybeans: improvement, production and uses**. Madison: American Society of Agronomy, 1973. p. 97-116.

HARLAN, J. R.; DE WET, J. M. J. Toward a rational classification of cultivated plants. **Taxon**, Utrecht, v. 20, p. 509-517, 1971.

HART, S. E.; GLENN, S.; KENWORTHY, W. J. Tolerance and the basis for selectivity to 2,4 D in perennial *Glycines* species. **Weed Science**, Champaign, v. 39, p. 535-539, 1991.

HARTMAN, G. L.; GARDNER, M. E.; HYMOWITZ, T.; NAIDO, G. C. Evaluation of perennial *Glycine* species for resistance to soybean fungal pathogens that cause Sclerotinia stem rot and sudden death syndrome. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 545-549, 2000.

HARTMAN, O. L.; WANG, T. C.; HYMOWITZ, T. Sources of resistance to soybean rust in perennial *Glycine* species. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 76, p. 396-399, 1992.

- HIROMOTO, D. M.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 9, p. 295-306, 1986.
- HYMOWITZ, T.; CHALMERS, N. L.; COSTANZA, S. H.; SAMM, M. M. Plant regeneration from leaf explants of *Glycine clandestine* Wendl. **Plant Cell Reports**, Berlin, v. 3, p. 192-194, 1986.
- HYMOWITZ, T. Evaluation of wild perennial *Glycine* species and crosses for resistance to Phakopsora. In: SINCLAIR, J. B.; HARTMAN, G. L. (Ed.). Soybean rust workshop. 1995. Urbana. **Proceedings...** Urbana: National Soybean Research Laboratory Publication, 2004. p. 33-37. Disponível em: <http://www.nsrll.uiuc.edu/news/nsrll_pubs/sbr1995/ArticleID.pdf>. Acesso em: 10 maio 2006.
- HYMOWITZ, T. On the domestication of the soybean. **Economic Botany**, New York, v. 24, n. 4, p. 408-421, 1970.
- HYMOWITZ, T. Soybeans: the success story. In: JANICK, J.; SIMON, J. (Ed.). **Advances in new crops**. Portland: Timber, 1990, p. 159-163.
- HYMOWITZ, T.; WOOLLEY, J. T.; PETERS, D. B. Screening of the wild perennial *Glycine* species for salt tolerance. **Soybean Genetics Newsletter**, Ames, v. 4, p. 271-272, 1987.
- ININDA, J.; FEHR, W. R.; CIANZO, S. R.; SCHNEBLY, S. R. Genetic gain in soybean populations with different percentages of plant introduction parentage. **Crop Science**, Madison, v. 36, p. 1.470-1.472, 1996.
- KEEN, N. T.; LYNE, R. L.; HIMOWITZ, T. Phytoalexin production as a chemosystematic parameter with *Glycine* spp. **Biochemical Systematics and Ecology**, Oxford, v. 14, n. 5, p. 481-486, 1986.
- KEIM, P.; SCHOEMAKER, R. C.; PALMER, R. G. Restriction fragment length polymorphism diversity in soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 77, p. 786-792, 1989.
- KOLLIPARA, K. P.; SINGH, R. J.; HYMOWITZ, T. Phylogenetic and genomic relationships in the genus *Glycine* Willd based on sequence from ITS region of nuclear rDNA. **Genome**, Ottawa, v. 40, n. 1: p. 57-68, 1997.
- KURODA, Y; KAGA, A.; TAMOOKA, N.; VAUGHAN, D. A. population genetic structure of Japanese wild soybean (*Glycine soja*) base don microsatellite variation. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 15, n. 4, p. 959-974, 2006.
- LADIZINSKY, G.; NEWELL, C. A.; HYMOWITZ, T. Wide crosses in soybeans: prospects and limitations. **Euphytica**, Wageningen, v. 28, p. 421-423, 1979.
- LEE, J.; HYMOWITZ, T. A molecular phylogenetic study of the subtribe *Glycininae* (Leguminosae) derived from the chloroplast DNA *rps* 16 intron sequences. **American Journal of Botany**, Columbus, v. 88, n. 11, p. 2.064-2.073, 2001.
- LIM, S. M.; HYMOWITZ, T. Reactions of perennial wild species of the genus *Glycine* subgenus *Glycine* to *Septoria glycinis*. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 71, p. 891-893, 1987.
- LOUX, M. M.; LIEBL, R. A.; HYMOWITZ, T. Examination of the wild perennial *Glycine* collection for tolerance to glyphosate. **Soybean Genetics Newsletter**, Ames, v. 14, p. 268-271, 1987.
- MACLEAN, R.; BYTH, D. E. Resistance of soybean to rust in Australia. **Australian Plant Pathology Society Newsletter**, Surrey Hills, v. 5, n. 3, p. 34-36, 1976.
- NEWELL, C. A.; DELANNAY, X.; EDGE, M. E. Interspecific hybrids between the soybean and perennial relatives. **Journal of Heredity**, Cary, v. 78, n. 5, p. 301-306, 1987.
- NEWELL, C. A.; HYMOWITZ, T. Successful wide hybridization between the soybean and a wild perennial relative *G. tomentella* Hayata. **Crop Science**, Madison, v. 22, p. 1.062-1.065, 1982.

NIELSEN, N. C.; DICKINSON, C. D.; CHO, T. J.; THANH, V. H.; SCALLON, B. J.; FISCHER, R. L.; SIMS, T. L.; DREWS, G. N.; GOLDBERG, R. B. Characterization of the glycinin gene family in soybean. **Plant Cell**, Rockville, v. 1, n. 3, p. 313-328, 1989.

PALMER, R. G.; HADLEY, H. H. Interspecific hybridization in *Glycine*, subgenus *Leptocyamus*. **Crop Science**, Madison, v. 8, p. 557-563, 1968.

SCHOEN, D. J.; BURDON, J. J.; BROWN, A. H. D. Resistance of *Glycine tomentella* to soybean leaf rust *Phakopsora pachyrhizi* in relation to ploidy level and geographic distribution. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 83, n. 6-7, p. 827-832, 1992.

SHIMAMOTO, Y.; FUKUSHI, H.; ABE, J.; KANAZAWA, A.; GAI, J.; GAO, Z.; XU, D. RFLPs of chloroplast and mitochondrial DNA in wild soybean, *Glycine soja*, growing in China. **Euphytica**, Wageningen, v. 45, n. 5, p. 433-439, 1998.

SHLUETER, J. A.; DIXON, P.; GRANGER, C.; GRANT, D.; CLARK, L.; DOYLE, J. J.; SHOEMAKER, R. C. Mining EST databases to resolve evolutionary events in major crop species. **Genome**, Ottawa, v. 47, n. 5, p. 868-876, 2004.

SHOEMAKER, R. C.; HATFIELD, P. M.; PALMER, R. G.; ATHERLY, A. A. Chloroplast DNA variation and evolution, in the genus *Glycine* subgenus *soja*. **Journal of Heredity**, Washington, v. 77, p. 26-30, 1986.

SHOEMAKER, R. C.; HEATH, M. S.; SKORUPSKA, H.; DELANNAY, X.; EDGE, M.; NEWELL, C. A. Fertile progeny of a hybridization between soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] and *G. tomentella* Hayata. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 80, p. 17-23, 1990.

SHOEMAKER, R. C.; POLZIN, K.; LABATE, J.; SPECHT, J.; BRUMMER, E. C.; OLSON, T.; YOUNG, N.; CONCIBIDO, V.; WILCOX, J.; TAMULONIS, J. P.; KOCHERT, G.; BOERMA, H. R. Genome duplication in soybean (*Glycine* subgenus *soja*). **Genetics**, Ottawa, v. 144, n. 1, p. 329-338, 1996.

SINGH, R. J.; HYMOWITZ, T. The genomic relationship between *Glycine max* (L.) Merr. and *G. soja* Sieb and Zucc. as revealed by pachytene chromosome analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 76, p. 705-711, 1988.

SINGH, R. J.; HYMOWITZ, T. Intersubgeneric crossability in the genus *Glycine* Willd. **Plant Breeding**, Berlin, v. 98, p. 171-173, 1987.

SINGH, R. J.; KOLLIPARA, K. P.; HYMOWITZ, T. Backcross-derived progeny from soybean and *Glycine tomentella* Hayata intersubgeneric hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 30, p. 871-874, 1990.

SINGH, R. J.; KOLLIPARA, K. P.; HYMOWITZ, T. Backcross (BC2-BC4)-derived fertile plants from *Glycine max* and *G. tomentella* intersubgeneric hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 33, p. 1.002-1.007, 1993.

SINGH, R. J.; KOLLIPARA, K. P.; HYMOWITZ, T. Development of hybrids between wild perennial soybeans and *Glycine max* (L.) Merr. and resistance to *Phakopsora pachyrhizi*. In: SOYBEAN RUST WORKSHOP, 1995, **Proceedings...** Urbana: National Soybean Research Laboratory Publication, 2004. p. 46-51. Disponível em: <http://www.nsrl.uiuc.edu/news/nsrl_pubs/sbr1995/ArticleIF.pdf>. Acesso em: 10 maio 2006.

SINGH, R. J.; KOLLIPARA, K. P.; HYMOWITZ, T. Monosomic addition lines derived from *Glycine max* (L.) and *G. tomentella* Hayata: production, characterization and breeding behavior. **Crop Science**, Madison, v. 38, p. 1.483-1.489, 1998.

SMITH, K. Soybeans: history and future. **Soybean meal information center**. Disponível em: <<http://soymeal.org/pdf/historypg3.pdf>>. Acesso em: 29 maio 2006.

SPECHT, J. E.; WILLIAMS, J. H. Contribution of genetic technology to soybean productivity-retrospect and prospect. In: FEHR, W. R. (Ed.). **Genetic contributions to yield of five major crop plants**. Madison: Crop Science Society of America, 1984. p. 49-74.

- STACEY, G.; VODKIN, L.; PARROTT, W. A.; SHOEMAKER, R. C. National science foundation-sponsored workshop report: draft plan for soybean genomics. **Plant Physiology**, Minneapolis, v. 135, p. 59-70, 2004.
- UDE, G. N.; KENWORTHY, W. J.; COSTA, J. M.; CREGAN, P. B.; ALVERNAZ, J. Genetic diversity of soybean cultivars from China, Japan, North America, and North American ancestral lines determined by amplified fragment length polymorphism. **Crop Science**, Madison, v. 43, p. 1.858-1.867, 2003.
- USTON, A.; ALLEN, F. L.; ENGLISH, B. C. Genetic progress in soybean of the U.S. midsouth. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 993-998. 2001.
- VELLO, N. A.; FEHR, W. R.; BAHRENFUSS, J. B. Genetic variability and agronomic performance of soybean populations developed from plant introduction. **Crop Science**, Madison, v. 24, p. 511-514, 1984.
- VERNETTI, F. J. Genética da soja: caracteres qualitativos. In: VERNETTI, F. J. (Ed.). **Soja: genética e melhoramento**. Campinas: Fundação Cargill, 1983. v. 2, p. 467-490.
- WU, Z.; SCHENK-HAMLIN; ZHAN W.; RAGSDALE, D. W.; HEIMPEL, G. E.; The soybean aphid in China: a historical review. **Annals of Entomological Society of America**, College Park, v. 97, n. 2, p. 209-218, 2004.
- XIE, H., CHANG, R.; ZHANG, M.; FENG, Z.; QUAN, R.; QIU, L. Utilizing genetic diversity on establishment of chinese soybean (*G. max*) core collection. In: PLANT AND ANIMAL GENOME CONFERENCE, 11., 2003, San Diego. Disponível em: <http://www.int1-pag.org/11/abstracts/P3b_p193_XI.html>. Acesso: 20 mai. 2006.
- XU, B. A decade study of Chinese wild soybean (*Glycine soja*). **Jilin Agriculture Science**, v. 1, p. 5-12, 1989. Disponível em: <<http://www.kstate.edu/issa/aphids/reporthtml/trans69.htm>>. Acesso em: 20 fev. 2006.
- XU, D. H.; GAL, J. Y. Genetic diversity of wild and cultivated soybeans growing in China revealed by RAPD analysis. **Plant Breeding**, Berlin, v. 122, n. 6, p. 503-506, 2003.
- ZAMIR, D. Improving plant breeding with exotic genetic libraries. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 2, n. 12, p. 983-989,. 2001. Disponível em: <<http://www.nature.com/reviews/genetics>>. Acesso em: 29 maio 2006.
- ZHOU, X.; CARTER JUNIOR, T. E.; CUI, Z.; MIYAZAKI, S.; BURTON, J. W. Genetic base of Japanese soybean cultivars released during 1950 to 1988. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 1794-1802, 2000.
- ZOU, J. J.; SINGH, R. J.; HYMOWITZ, T. SSR marker and ITS cleaved amplified polymorphic and sequence analysis of soybean x *Glycine tomentella* instersubgeneric derived lines. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 109, n. 4, p. 769- 774, 2004.



omate

Presente dos astecas para a gastronomia mundial

Foto: Rosa Lía Barbieri



Tomate

Raquel Silviana Neitzke
Miriam Valli Büttow

O tomate (*Solanum lycopersicum* L.) é uma hortaliça muito popular e cultivada em todo o mundo, que participa da culinária típica de diversas etnias. Ocupa o segundo lugar em volume de produção de hortaliças no Brasil, ficando atrás apenas da batata (SILVA et al., 2003). Além de sua importância econômica, no Brasil a cadeia produtiva do tomate desempenha papel social relevante, pois possui mais de 10 mil produtores, envolvendo 60 mil famílias de trabalhadores, cujo efetivo é de mais de 200 mil pessoas (TAVARES, 2003). A ampla aceitação mundial se deve à variedade de tipos de frutos, com diversos formatos, tamanhos, cores e sabores (CONSUEGRA et al., 2000), o que lhe confere versatilidade de uso. Os tomates podem ser usados em saladas, molhos e sucos, e também para confeccionar extratos, embutidos, sopas, temperos e condimentos. Até mesmo tomates verdes são utilizados em conservas. Durante a fabricação de vários derivados do tomate, uma boa parte da matéria-prima não é utilizada.

Esse material que sobra pode ser usado na alimentação animal e suas sementes podem ser usadas como fonte de óleo.

O fruto é fonte de ácido fólico, de vitamina C e de potássio, além de uma rica fonte de carotenóides (SILVA et al., 2003). Pesquisas têm destacado sua ação contra o câncer de próstata e doenças cardiovasculares, bem como na redução dos danos oculares causados por raios ultravioletas (FAGUNDES et al., 2005). O tomate é também fonte de licopeno, um carotenóide com grande ação antioxidante, com comprovada ação na prevenção da carcinogênese (formação de câncer) e da aterogênese (formação de lesões provocadas por deposição de gordura nas artérias) (AGARWAL; RAO, citados por SHAMI; MOREIRA, 2004). Tomates e derivados estão entre as maiores fontes conhecidas de licopeno, cuja concentração varia conforme o tipo e o grau de amadurecimento dos frutos. Segundo Giovannucci (1999), o licopeno é mais facilmente absorvido quando o tomate é consumido após o cozimento do que quando in natura.

A forma de cultivo, a finalidade de uso do produto e sua comercialização variam de acordo com os diferentes tipos de tomate. As características de arquitetura da planta e do fruto determinam o uso para a industrialização ou para o consumo fresco. A arquitetura é caracterizada por dois hábitos de crescimento distintos: determinado e indeterminado. O hábito indeterminado, em que o caule atinge mais de 2,5 m de altura e necessita de tutoramento e poda, é característico da maioria das cultivares apropriadas para a produção de frutos para mesa. O hábito determinado, por sua vez, é característico das cultivares adaptadas especialmente para cultivo rasteiro, em que as hastes das plantas atingem cerca de 1 m, cujos frutos são utilizados na agroindústria.

O cultivo de tomate no Brasil ocorre praticamente em todos os estados, com maior destaque para o Centro-Sul e parte do Nordeste (RESENDE, 1995), variando de pequenas áreas em cultivo protegido até grandes extensões, destinadas à industrialização. Em alguns casos, principalmente para a indústria, a colheita é realizada mecanicamente; no outro

extremo, para o tomate de mesa, a colheita é escalonada e manual (RICK, 1995).

A qualidade dos frutos do tomate de mesa é muito importante, principalmente do ponto de vista comercial. Características como tamanho, formato, firmeza e coloração do fruto – bem como sua aparência geral – são determinantes para a preferência do consumidor (ANDRADE JUNIOR et al., 2001). Uma das dificuldades na produção de tomate de mesa é a alta precibilidade natural do fruto maduro, o que exige sua rápida comercialização após a colheita. Isso o torna uma das hortaliças com maiores índices de perdas na pós-colheita, em especial perdas decorrentes do manuseio inadequado durante a colheita e transporte. Os tomates dos tipos longa vida e extra firme têm mostrado expansão em ritmo acelerado, sobretudo nas zonas de produção do Sudeste e do Sul do Brasil (ANDRADE JUNIOR et al., 2001). Os tomates longa vida permanecem com o pericarpo firme por um maior período de tempo e, em geral, são portadores de algum alelo que aumenta significativamente sua conservação pós-colheita, o que favorece o transporte em longas distâncias e torna viável seu envio para regiões mais distantes (PIERRO, 2002). No entanto, o sabor do tomate longa vida tem sido alvo de críticas, pois os mesmos genes que conferem a desejável característica de durabilidade pós-colheita causam também efeitos indesejados no sabor, no aroma, na textura e no teor de licopeno.

Na América do Sul, o Brasil lidera a produção de tomate para processamento industrial, e é o maior mercado consumidor de seus derivados industrializados. Entretanto, no contexto mundial, o País tem uma participação de apenas 5,5 % da produção total de tomate para processamento industrial, e a exportação de derivados industrializados não é significativa (MELO; VILELA, 2005).

Nas condições brasileiras de comercialização, o tomate é produzido ao longo de todo o ano, e muitas são as cultivares que atendem às mais diferentes demandas, desde as cultivares industriais até as cultivares de mesa.

Origem e história da domesticação

O tomate é originário do território limitado, ao norte, pelo Equador, ao sul, pelo norte do Chile, a oeste, pelo oceano Pacífico e, a leste, pela Cordilheira dos Andes (FILGUEIRA, 2003), onde as temperaturas são moderadas (médias de 15 °C a 19 °C) e as precipitações não são muito intensas (SILVA et al., 2003). A espécie cultivada, *Solanum lycopersicum* (sinonímia *Lycopersicon esculentum*), originou-se da espécie silvestre andina *Solanum cerasiforme* (sinonímia *L. esculentum* var. *cerasiforme*), que produz frutos do tipo cereja (RICK, 1995).

A domesticação do tomate apresenta uma curiosa história. Diferentemente da maioria das espécies cultivadas, o tomate não foi domesticado no seu local de origem. De acordo com Harlan (1992), tomates silvestres são encontrados ao longo da costa do Equador e do Peru, mas não há evidência de que o tomate domesticado tenha sido conhecido pelos povos sul-americanos em épocas pré-colombianas. Não há nenhum nome a ele atribuído em qualquer das linguagens sul-americanas nenhuma tradição ligada ao tomate, e tampouco registros arqueológicos. Quando os europeus chegaram ao continente americano, o cultivo do tomate ocorria apenas no México, onde possuía grande importância, e era semeado, cultivado e colhido nas *milpas* (sistema de cultivo utilizado na mesoamérica que envolvia o cultivo consorciado de milho, feijão e abóbora) (CONSUEGRA et al., 2000). Os mexicanos nativos atribuíam ao tomate o nome de *jitomatle*, na língua asteca *Nahuatl*. Eles o cultivavam e comercializavam nos mercados, e preparavam com ele alimentos variados. Porém, tomates silvestres são desconhecidos no México (HARLAN, 1992). Sua disseminação foi facilitada, provavelmente, pelo reduzido tamanho de suas sementes, que podiam ser facilmente carregadas (HAYS; HAYS, 1973). Segundo Silva (1997), o tomate foi de sua terra de origem para o México, por rotas de comércio muito antigas, certamente de antepassados dos incas, dos astecas e dos maias.

No sul do México é comum encontrar plantas de tomate crescendo espontaneamente como plantas daninhas que invadem plantações de milho, suas proximidades e áreas utilizadas em rotações de cultura da região. São encontradas em beiras de estradas, nos campos e crescendo nas ruínas maias. Jenkins, em 1948, sugeriu que essas plantas que infestam lavouras e são consideradas daninhas, teriam sido a matéria-prima usada na domesticação da espécie no México, e que essas raças teriam chegado ao país somente depois que a agricultura já estava bem estabelecida (HARLAN, 1992).

As naus espanholas que chegaram à América logo depois de Colombo encontraram alimentos que, ao longo da história, iriam produzir quase tanta riqueza quanto as minas de prata do Peru: o tomate, o cacau e a batata (SILVA, 1997). Os espanhóis já encontraram o tomate sendo consumido normalmente pela população indígena, que os ensinou muitas maneiras de prepará-los, quer sejam crus quer sejam cozidos e misturados com pimentas doces, vermelhas e verdes (HAYS; HAYS, 1973). De acordo com Pio Correia, citado por Ferrão (1993), os espanhóis levaram a planta para a Espanha após a conquista do México, em 1523. Dali foi levado para a Itália, em 1544, e para a Inglaterra em 1597. Inicialmente o tomate foi considerado como planta ornamental, e não era consumido na alimentação, pelo temor de toxicidade (FILGUEIRA, 2003; CAMARGO et al., 2006). Por ser da mesma família que uma planta altamente tóxica nativa da Europa – conhecida popularmente como *nightshade* –, os europeus associaram ao tomate a idéia de toxidez, por isso temiam muito o consumo de seus frutos. Os tomates, de frutos amarelos e vermelhos, eram ornamento constante em seus lares, mas não eram servidos em suas mesas (HAYS; HAYS, 1973).

Os primeiros europeus que utilizaram esse fruto na alimentação foram, provavelmente, os italianos. É possível que os primeiros tomates a serem conhecidos na Itália tenham sido de coloração amarela, uma vez que a palavra utilizada para designá-los é *pomodoro*, que significa “maçã

dourada” (CONSUEGRA et al., 2000). Os franceses atribuíram-lhe um nome mais romântico: *pomme d’amour*, que quer dizer “maçã do amor”, talvez porque pudesse ser admirado e tocado, mas não comido. Também foi conhecido como “pêssego de lobo”, por parecer tão delicioso quanto pêssego maduro, mas ser tão perigoso quanto um lobo (HAYS; HAYS, 1973).

Da Inglaterra, o tomate foi levado para os Estados Unidos por volta do ano de 1711, onde também foi cultivado como planta ornamental e não era consumido por ser considerado venenoso. Em 1820, Robert Gibbon Johnson, um cidadão proeminente de Nova Jersey, teve a ousadia de comer tomates em público, desafiando a crença de que quem os consumisse morreria intoxicado. Só depois desse episódio o tomate começou a ser cultivado e consumido, mas ainda em pequena escala (SMITH, 1994). Depois da Guerra Civil (1861–1865), um maior número de pessoas nos Estados Unidos aceitou os tomates como parte de sua alimentação e, por volta de 1892, já havia uma grande demanda para seu consumo (HAYS; HAYS, 1973).

Tudo indica que o tomate chegou até a Ásia, levado pelos espanhóis, através do Pacífico (FERRÃO, 1993).

Todos os frutos de tomates silvestres e invasores apresentam dois lóculos, e alguns dos tipos mais populares cultivados na América tropical também possuem dois lóculos. Aparentemente, os tomates levados para a Europa pelos espanhóis, no século 16, eram altamente multiloculados, com sulcos e saliências bastante proeminentes, pois assim aparecem em ilustrações de livros europeus publicados no século 16. Os europeus levaram 400 anos tentando modificar o tomate para obter frutos sem os sulcos e saliências, enquanto já havia tipos lisos desde a época dos astecas (HARLAN, 1992).

Pitta, um historiador português, publicou, em 1730, o livro *História da América portuguesa, desde o ano de mil quinhentos do seu descobrimento até o de mil setecentos e vinte e quatro*, no qual cita a existência do tomateiro no Brasil, mas o inclui

entre as “hortaliças da Europa” (FERRÃO, 1993). Isso esclarece o fato de no Brasil o tomate ter sido trazido da Europa, e não diretamente do seu local de domesticação.

Botânica e taxonomia

O tomate é uma planta herbácea perene, porém cultivada normalmente como anual. Em condições naturais, a planta forma arbustos ramificados. Sob cultivo, algumas cultivares também crescem como arbustos, enquanto outras possuem um único caule, que geralmente é tutorado. A planta possui de 70 cm a 2 m de altura, e folhas pinadas ou bipinadas. Toda a sua parte vegetativa possui glândulas ou pêlos com um forte odor característico. As flores, cujo número varia de 3 até 11 ou mais, crescem em racemos ou cachos e possuem cálice verde com seis lóbulos e seis pétalas amarelas (algumas cultivares possuem cinco sépalas e cinco pétalas). Em algumas cultivares, as anteras amarelas encobrem o estigma, assegurando, dessa forma, a autopolinização; em outras, particularmente em regiões tropicais, o estigma é mais longo que as anteras, o que permite algum nível de polinização cruzada (VAUGHAN; GEISSLER, 1994).

O fruto é uma baga carnosa e apresenta variações de cor que vão da vermelha à amarela. Existe também variabilidade para o tamanho de fruto (de 1,5 cm até cerca de 10 cm de diâmetro). Os tomates-cereja são pequenos, enquanto os tomates de mesa são grandes, com superfície lisa ou rugosa. Normalmente têm forma globosa, porém existem tipos com forma de ameixa e de pêra. Mais de 90 % dos frutos são compostos por água. Eles contêm pouco conteúdo de gordura e de proteína; cerca de 3 % de carboidratos (glicose e frutose); diversos minerais; carotenos e, ainda, vitaminas C, E e do complexo B. Como em outros frutos, a qualidade sensorial está relacionada com a interação dos açúcares, dos ácidos e de uma grande quantidade de compostos voláteis. O tomate possui tomatina, um alcalóide cuja concentração diminui à

medida que o fruto vai amadurecendo. No entanto, ao contrário de outros presentes na família Solanaceae, o alcalóide não é tóxico.

O tomate pertence ao filo Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, ordem Solanales, família Solanaceae (Jussieu). A subfamília Solanoideae forma um grupo monofilético caracterizado pelo número cromossômico de base $x=12$ (OLMSTEAD; PALMER, 1992; OLMSTEAD; SWEERE, 1994). Em termos de gênero dentro das Solanáceas, a classificação do tomate é extremamente controversa desde o século 18 (PERALTA; SPOONER, 2000). Em 1753, o tomate foi nomeado originalmente *Solanum lycopersicum* por Lineu. Philip Miller, por sua vez, criou o gênero *Lycopersicon* e nomeou o tomate *Lycopersicon esculentum* (HEISER; ANDERSON, 1999). A partir de então, esse se tornou o nome usado até muito recentemente. *Lycopersicon* foi considerado como um pequeno gênero dentro da família Solanaceae e, inicialmente, a única diferença encontrada entre esse gênero e o *Solanum* era a forma da deiscência do pólen nas anteras. No entanto, vários autores argumentaram que essa característica não era suficiente para separar os dois gêneros, pois dessa forma o gênero *Solanum* deveria ser subdividido em outros vários gêneros (OLMSTEAD; PALMER, 1992). Estudos com polimorfismo de comprimento de fragmentos de restrição (RFLP) de DNA do cloroplasto feitos por Spooner et al. (1993) demonstraram que se o *Lycopersicon* fosse reconhecido, esse seria um gênero parafilético irmão de *Solanum* e, em consequência, vários outros gêneros deveriam ser criados. Assim, Spooner et al. (1993) transferiram *Lycopersicon* para *Solanum* e criaram a seção *Lycopersicum*. Os mesmos autores também providenciaram novas nomenclaturas para muitas das espécies de *Lycopersicum*.

A localização do tomate no gênero *Solanum* torna muito clara a relação entre tomates e batatas tuberosas e não-tuberosas, e pode promover grandes esforços em busca de intercruzamentos e transferência de genes entre esses dois importantes grupos de plantas (PERALTA; SPOONER, 2000).

Citogenética e genética

O gênero *Solanum* seção *Lycopersicum* possui nove espécies, que podem ser agrupadas em dois complexos, ou *pools* gênicos, de acordo com a possibilidade de cruzarem facilmente (complexo *esculentum*) ou não (complexo *peruvianum*) com *S. lycopersicum*. O tomate cultivado é uma das nove espécies fortemente relacionadas do gênero *Solanum* seção *Lycopersicum*. A maioria das espécies é perene, e pode crescer, florescer e frutificar em menos de cinco meses (VAUGHAN; GEISSLER, 1994). Todas as espécies são nativas do oeste da América do Sul. A forma silvestre *S. cerasiforme* é ainda encontrada no México, na América Central e em algumas partes da América do Sul, assim como nas zonas subtropicais do Velho Mundo – porém como planta daninha –, e as plantas nativas sofrem com a competição com os tomates daninhos altamente agressivos (RICK, 1995). O tomate possui um genoma diplóide considerado pequeno ($2n=2x=24$), uma seqüência de 950 MB, e tolerância a intercruzamentos, o que faz da espécie a peça principal para o estudo genético da família Solanaceae (SOL GENOMIC NETWORKS, 2007). Todas as espécies possuem o mesmo número cromossômico e a mesma morfologia. Até mesmo a análise citogenética de populações F_1 de híbridos interespecíficos evidencia nenhuma ou poucas diferenças estruturais. Foram registrados raros casos de autopoliploidia natural (RICK, 1995). O tomate cultivado *S. lycopersicum* e seus parentes mais próximos são autofecundados, enquanto as formas ancestrais são de fecundação cruzada em grande parte das espécies de origem subtropical.

Dentro do gênero *Solanum*, existe uma variabilidade significativa para as características de frutos. A coloração varia de preta, passando pela vermelha e laranja, até a amarela. Variedades cultivadas de *S. lycopersicum* e *S. melongena* (berinjela) podem possuir frutos extremamente grandes. O aumento e a expansão da placenta, bem como o aumento do número de lóculos, ocorrem em espécies isoladas em

todos os clados, e não apenas naqueles táxons cultivados para o consumo de frutos (KNAPP, 2002).

A família Solanaceae apresenta um atrativo sistema para o estudo do histórico de rearranjos cromossômicos. Os primeiros mapas comparativos mostraram que o tomate (*S. lycopersicum*) e a batata (*S. tuberosum*) são diferenciados por uma série de inversões paracêntricas de braços cromossômicos. Livingstone e Rieseberg (2003) defendem a idéia de que o rearranjo no cromossomo 10 do tomate pode ter facilitado o processo de especiação. Espécies atuais de tomates silvestres são simpátricas com a *S. lycopersicoides* e *S. sitiens*; e, conseqüentemente, existe grande possibilidade de que a especiação parapátrica tenha iniciado a linhagem do tomate.

Recursos genéticos e melhoramento do tomateiro

Todas as variedades da Europa e da Ásia descendem de sementes levadas da América Latina pelos colonizadores espanhóis e portugueses durante o século 16 (CONSUEGRA et al., 2000).

Os recursos genéticos do tomateiro têm sido exaustivamente explorados em todo o mundo. No mercado são encontradas centenas de cultivares de tomate que apresentam significativa tolerância climática, cultivadas em regiões tropicais e temperadas, a campo, sob estufas plásticas e em casas-de-vegetação (VAUGHAN; GEISSLER, 1994). O germoplasma de espécies de tomates silvestres tem sido utilizado em programas de melhoramento como fonte de genes para resistência a doenças e a insetos, de tolerância a estresses abióticos e de melhoria da qualidade dos frutos (GIORDANO; SILVA, 1999).

As pesquisas com o melhoramento da espécie resultaram em frutos de maturação mais uniforme, com coloração

vermelho-brilhante, com menor frequência de fissuras na casca, polpa quase sólida, com poucas sementes e melhor sabor (HAYS; HAYS, 1973). Frutos grandes e carnosos foram obtidos nos últimos 100 anos na Europa e na América do Norte, onde essa espécie tem sido intensamente selecionada (CONSUEGRA et al., 2000).

Nos programas de melhoramento do tomateiro, os principais aspectos buscados são: o aumento da produção, a resistência a pragas e doenças, e a melhoria da qualidade dos frutos. Esta última está associada, entre outros aspectos, à maior conservação natural dos frutos na pós-colheita, e pode ser obtida por meio da produção de frutos híbridos F_1 com maior firmeza, associados a uma melhor coloração. Um fator de grande importância na conservação de frutos – e que atualmente vem sendo entendido como sinônimo de longa vida por algumas empresas – é a firmeza dos frutos. Porém, vida de prateleira e firmeza de frutos são dois fatores distintos e dependem tanto do emprego de locos gênicos mutantes para amadurecimento lento como do background genético utilizado (ANDRADE JUNIOR et al., 2001).

Os trabalhos de melhoramento para cultivares destinadas ao processamento industrial devem ser direcionados para a obtenção de plantas compactas, produtivas, resistentes às doenças e com maturação de frutos uniforme, visando à colheita mecanizada. Dessa forma, durante o processo de seleção de genótipos para colheita mecanizada devem ser avaliados, prioritariamente, a maturação simultânea dos frutos, o potencial produtivo, o tamanho da rama (que deve ser mediano), a persistência dos frutos na planta, a firmeza (que permita o transporte dos frutos a granel), e o índice de retenção de pedúnculo. Outras características inerentes às cultivares que se destinam ao processamento industrial, como tais, teor de sólidos solúveis (graus Brix acima de 5,0), coloração vermelha intensa (externa e interna), pericarpo espesso, inserção peduncular pequena, ausência de defeitos e resistência às doenças, devem ser cuidadosamente avaliadas durante o processo de seleção (MELO; VILELA, 2005).

No Brasil, as cultivares de polinização aberta foram rapidamente substituídas por híbridos. Em 1998, informações obtidas nas indústrias processadoras indicaram que 45 % da área plantada foi ocupada por cultivares híbridas e, em 2002, quase toda a área cultivada foi utilizada com híbridas F₁ (SILVA et al., 2003). Em comparação com variedades comuns, as híbridas apresentam as vantagens de alto potencial de produção, de maturação concentrada (fundamental para a colheita mecanizada), e de resistência múltipla a doenças (MELO; VILELA, 2004).

O melhoramento genético, além de se preocupar com a melhoria das características agronômicas do tomate, busca desenvolver cultivares que atendam à demanda por produtos mais saudáveis, incluindo-se uma maior concentração de licopeno nos frutos.

Referências

- ANDRADE JÚNIOR, V. C.; MALUF, W. R.; FARIA, M. V.; AZEVEDO, S. M.; GOMES, L. A. A. Avaliação do potencial agronômico e da firmeza pós-colheita de frutos em híbridos de tomateiro. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 3, p. 489-502, 2001.
- BOHS, L.; OLMSTEAD, R. Phylogenetic relationships in *Solanum* (Solanaceae) based on ndhF sequences. **Systematic Botany**, Laramie, v. 22, p. 5-17, 1997.
- CAMARGO, A. M. M. P.; CAMARGO, F. P.; ALVES, H. S.; CAMARGO-FILHO, W. P. Desenvolvimento do sistema agroindustrial do tomate. **Informações Econômicas**, São Paulo, v. 36, n. 6, p. 53-95, 2006.
- CONSUEGRA, O. P.; MORALES, A. C.; LATERROT, H. E.; ANAÏS, G. B. J. **Mejora genética y manejo del cultivo del tomate para la producción en el Caribe**. Habana: Ministerio de la Agricultura, 2000. 319 p.
- DARWIN, S. C.; KNAPP, S.; PERALTA, I. E. Taxonomy of tomatoes in the Galápagos Islands: native and introduced species of *Solanum* section *Lycopersicon* (Solanaceae). **Systematics and Biodiversity**, London, v. 1, n. 1, p. 29-53, 2003.
- FAGUNDES, A. F.; ONUKI, N. S.; RAUPP, D. S.; GARDINGO, J. R.; BORSATO, A. V. Influência do grau de umidade na textura de tomate seco refrigerado ou envasado em óleo. **Ciências Exatas e da Terra, Ciências Agrárias e Engenharias**, Ponta Grossa, v. 11, n. 1, p. 35-42, 2005.
- FERRÃO, J. E. M. **A aventura das plantas e os descobrimentos portugueses**. Lisboa: Instituto de Investigação Científica Tropical, 1993. 248 p.
- FILGUEIRA, F. A. R. **Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2003. 412 p.
- GIORDANO, L. B.; SILVA, C. Hibridação em tomate. In: BORÉM, A. (Org.). **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 463-480.

- GIOVANNUCCI, E. Tomatoes, tomato-based products, lycopene, and cancer: review of the epidemiologic literature. **Journal of the National Cancer Institute**, Oxford, v. 91, n. 15, p. 1.331, 1999.
- HARLAN, C. R. **Crops and man**. 2. ed. Madison: American Society of Agronomy, 1992. 284 p.
- HAYS, W. P.; HAYS, R. V. **Foods: the Indians gave us**. New York: Ives Washburn, 1973. 181 p.
- HEISER, C.; ANDERSON, G. Perspectives on new crops and new uses. In: JANICK, J. (Ed.). **"New" Solanums**. Alexandria: ASHS, 1999. p. 379-384.
- KNAPP, S. Tobacco to tomatoes: a phylogenetic perspective on fruit diversity in the Solanaceae. **Journal of Experimental Botany**. Oxford, v. 53, n. 377, p. 2.001-2.022, 2002.
- LIVINGSTONE, K; RIESEBERG, L. Chromosomal evolution and speciation: a recombination-based approach. **New Phytologist**, Lancaster, v.161, p. 107-112, 2003.
- MARSHALL, J. A.; KNAPP, S.; DAVEY, M. R.; POWER, J. B.; COCKING, E. C.; BENNETT, M. D.; COX, A. V.; Molecular systematics of *Solanum* section *Lycopersicum* (*Lycopersicon*) using the nuclear ITS rDNA region. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 103, n. 8, p. 1.216-1.222, 2001.
- MELO, P. C. T.; VILELA, N. J. Desafios e perspectivas para a cadeia brasileira do tomate para processamento industrial. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 154-157, 2005.
- MELO, P. C. T.; VILELA, N. J. Desempenho da cadeia agroindustrial brasileira do tomate na década de 90. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 1, p. 154-160, 2004.
- MOURA, M. L.; FINGER, F. L.; MIZOBUTSI, G. P.; GALVÃO, H. L. Fisiologia do amadurecimento na planta do tomate 'Santa Clara' e do mutante 'Firme'. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 81-85, 2005.
- OLMSTEAD, R. G.; PALMER, J. D. A chloroplast DNA phylogeny of the Solanaceae: subfamilial relationships and character evolution. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, St. Louis, n. 79, p. 346-360, 1992.
- OLMSTEAD, R.; PALMER, J. Implications for the phylogeny, classification, and biogeography of *Solanum* from cpDNA restriction site variation. **Systematic Botany**, London, v. 22, p. 19-29, 1997.
- OLMSTEAD, R. G.; SWEERE, J. A. Combining data in phylogenetic systematics: an empirical approach using three molecular data sets in the Solanaceae. **Systematic Biology**, Washington, n. 43 p. 467-481, 1994.
- PERALTA, I. E.; SPOONER, D. M. Classification of wild tomatoes: a review. **Kurtziana**, Cordoba, v. 28, n. 1, p. 45-54, 2000.
- PIERRO, A. Gosto bom. **Cultivar: hortaliças e frutas**. Pelotas, v. 2, p. 10-12, 2002.
- RESENDE, J. M. **Qualidade pós-colheita de dez genótipos de tomate do grupo multilocular**. 1995. 90 p. (Mestrado em Ciência dos Alimentos) – Faculdade de Ciência dos Alimentos, Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- RICK, C. M. Tomato – *Lycopersicon esculentum* (Solanaceae). In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. **Evolution of crop plants**. London: Longman, 1995. p. 449-451.
- SHAMI, N. J. I. E.; MOREIRA, E. A. M. Licopeno como agente oxidante. **Revista de Nutrição**, Campinas, v. 17, n. 2, p. 227-236, abr./jun. 2004.
- SILVA, J. B. C. da; GIORDANO, L. de B.; FURUMOTO, O.; BOITEUX, L. da S.; FRANÇA, F. H.; VILLAS BÔAS, G. L.; CASTELO BRANCO, M.; MEDEIROS, M. A.; MAROUELLI, W.; SILVA, W. L. C. e; LOPES, C. A.; ÁVILA, A. C.; NASCIMENTO, W. M.; PEREIRA, W. **Cultivo de tomate para industrialização**. Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 2003. (Sistemas de Produção, 1). Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Tomate/TomateIndustrial/>>. Acesso em: 21 jun. 2007.

SILVA, S. P. **Flores do alimento**. São Paulo: Empresa das Artes, 1997, 192 p.

SMITH, A. F. **The tomato in America**: early history, culture, and cookery Columbia: University of South Carolina Press, 1994. 224 p.

SOL GENOMIC NETWORKS. Disponível em: <<http://www.sgn.cornell.edu>>. Acesso em: 13 jun. 2007.

SPOONER, D.; ANDERSON, G.; JANSEN, R. Chloroplast DNA evidence for the interrelationships of tomatoes, potatoes, and pepino (Solanaceae). **American Journal of Botany**, St. Louis, v. 80, p. 676–698, 1993.

TAVARES, C. A. M. Ataque dos vírus. **Cultivar: hortaliças e frutas**, Pelotas, v. 2, n. 17, p. 26-29, jan. 2003.

VAUGHAN, J. G.; GEISSLER, C. A. **The new Oxford book of food plants**: a guide to the fruit, vegetables, herbs and spices of the world. New York: Oxford University Press, 1994. 239 p.



T
rigo

A cultura que deu suporte à civilização

Foto: Rosa Lía Barbieri





T

rigo

Clause Fátima de Brum Piana
Fernando Irajá Félix de Carvalho

A história do trigo cultivado está intrinsecamente relacionada com o desenvolvimento da civilização humana. A domesticação do trigo, iniciada há cerca de dez mil anos na região da Mesopotâmia (sudoeste da Ásia), permitiu que o homem deixasse para trás milhares de anos de existência errante, como caçador e coletor, estabelecendo-se em povoados e gerando seu próprio sustento. A capacidade de produzir alimento em grandes quantidades, aliada à possibilidade de armazenar excedentes, levou ao aumento da população e à evolução cultural. O homem das comunidades sedentárias adotou o trigo em tal extensão que este cereal é hoje a principal espécie cultivada no mundo.

Modernamente, a cultura do trigo tornou-se a base de sustentação para o desenvolvimento agrícola em diversas partes do mundo, impulsionando o avanço dos conhecimentos científico e tecnológico nesta área. O trigo contribuiu também para o crescimento da indústria, uma vez que gerou demanda por equipamentos e produtos agrícolas nas

diversas etapas do processo de produção, desde a lavoura até a industrialização do grão. Esses resultados acabaram abrindo caminho e dando suporte para o desenvolvimento de outras espécies agrícolas, principalmente aquelas que produzem grãos, como a soja e o arroz.

Existem diversas espécies de trigo, silvestres e cultivadas, mas apenas duas têm grande importância econômica: o trigo comum ou trigo para pão (*Triticum aestivum* sin. *T. vulgare*), e o trigo duro ou trigo para macarrão (*T. turgidum* var. *durum*). O trigo comum representa cerca de 90 % de todo o trigo cultivado no mundo, e o restante da área (aproximadamente 20 milhões de hectares) é quase todo ocupado pelo trigo duro.

Atualmente, o trigo cultivado conta com uma enorme variabilidade, compreendendo mais de 25 mil cultivares distintas, e revela alto rendimento em uma série de ambientes que se estende de 67° Norte (na Noruega, na Finlândia e na Rússia) a 45° Sul (na Argentina e no Chile). Embora seja mais bem adaptado a regiões de clima temperado, o trigo é também cultivado em algumas regiões tropicais e subtropicais, embora se trate, nesse caso, de trigo melhorado geneticamente, que apresenta, por exemplo, menor exigência de frio.

As cultivares mais modernas pertencem à espécie *T. aestivum*, que é altamente valorizada na fabricação de pão dada a grande quantidade de glúten presente no endosperma do grão. É a elasticidade da proteína do glúten que permite a retenção do dióxido de carbono (CO₂) formado durante a fermentação da levedura e, conseqüentemente, possibilita o crescimento da massa. As principais regiões produtoras de trigo comum no mundo são: sudoeste da Rússia e Ucrânia, planície central dos Estados Unidos e as áreas adjacentes no Canadá, noroeste da Europa, bacia do Mediterrâneo, centro-norte da China, Índia, Argentina e sudoeste da Austrália.

O trigo duro é cultivado em regiões relativamente secas, particularmente na bacia do Mediterrâneo, na Austrália, na Índia, na antiga União Soviética e em áreas de baixa

pluviosidade das grandes planícies dos Estados Unidos e do Canadá. Seus grãos duros produzem farinha com baixo teor de glúten, que é adequada para a fabricação de macarrão e de produtos de semolina.

O grão de trigo contém a maioria dos nutrientes essenciais para o homem: carboidratos (de 60 % a 80 %), principalmente na forma de amido; proteínas (de 8 % a 15 %), incluindo quantidades adequadas de todos os aminoácidos essenciais, exceto lisina, triptofano e metionina; gorduras (de 1,5 % a 2,0 %); minerais (de 1,5 % a 2,0 %) e vitaminas (E e do complexo B). Além do seu alto valor nutritivo, a baixa quantidade de água no grão, a facilidade de processamento e de transporte, bem como a boa qualidade de armazenamento, fizeram do trigo o alimento básico de cerca de 35 % da população mundial.

Durante os últimos 60 anos, o rendimento médio do trigo aumentou de 1,0 t.ha⁻¹ para 3,0 t.ha⁻¹, principalmente em virtude do uso de adubos e de cultivares melhoradas. Em 2005, a cultura do trigo ocupou uma área de 216 milhões de hectares, principalmente no hemisfério norte, que produziu 626 milhões de toneladas, representando 28 % da produção mundial de cereais.

Origem e evolução genética

O trigo, a cevada e a aveia constituem, junto com outras gramíneas importantes, a tribo Triticeae da família Poaceae (Gramineae). Relações entre espécies dentro dessa tribo têm sido extensivamente estudadas por meio da análise de genomas. A subtribo Triticinae é constituída pelos gêneros *Triticum*, *Aegilops*, *Agropyron*, *Secale* e *Haynaldia*, que apresentam origem relativamente recente e, eventualmente, podem inter cruzar-se (BRAMMER, 2003). Híbridagens entre gêneros dentro dessa subtribo possibilitaram a troca de constituintes genéticos e levaram à formação de espécies poliplóides. As formas poliplóides do

trigo se originaram de hibridações naturais entre os gêneros *Triticum* e *Aegilops*, combinando genomas completos de duas ou três espécies diplóides distintas. Cada um desses genomas contém o número básico de sete cromossomos ($x=7$) e é designado por uma letra maiúscula (Tabela 1). Assim, existem trigos diplóides, tetraplóides e hexaplóides, como, por exemplo, *T. monococcum* ($2n=2x=14$, genoma AA), *T. dicoccum* ($2n=4x=28$, genoma AABB) e *T. aestivum* ($2n=6x=42$, genoma AABBDD), respectivamente.

É consenso entre os pesquisadores que as espécies silvestres diplóides, embora tenham divergido consideravelmente entre si, têm origem monofilética, ou seja, possuem um ancestral comum. A divergência entre essas espécies está particularmente evidente na morfologia da espiga, nas

Tabela 1. Classificação dos trigos cultivados e das espécies silvestres relacionadas.

Espécie	Genoma	Silvestre		Cultivada	
		Grão com glumelas aderidas	Grão com glumelas aderidas	Grão nu	Grão nu
Diplóides (2n=14)					
<i>Aegilops speltoides</i> Tausch ⁽¹⁾	S(G)	Todas			
<i>Ae. bicornis</i> (Forssk.) Jaub & Spach	S ^b	Todas			
<i>Ae. longissima</i> (Schweinf. Muschl.)	S ^l	Todas			
<i>Ae. searsii</i> Feldman & Kislev	S ^s	Todas			
<i>Ae. tauschii</i> Coss.	D	Todas			
<i>Triticum urartu</i> Thumanjan ex Gandilyan	A ^u	Todas			
<i>T. monococcum</i> L.	A ^m	Var. <i>boeoticum</i> (einkorn silvestre)	Var. <i>monococcum</i> (einkorn cultivado)	Var. <i>sinskajae</i> (einkorn cultivado)	
Tetraplóides (2n=28)					
<i>T. timopheevi</i> (Zhuk.) Zhuk.	AG	Var. <i>araraticum</i>	Var. <i>timopheevi</i>	Var. <i>militinae</i>	
<i>T. turgidum</i> L.	AB	Var. <i>dicoccoides</i> (emmer silvestre)	Var. <i>dicoccum</i> (emmer cultivado)	Var. <i>durum</i> Var. <i>turgidum</i> Var. <i>polonicum</i> Var. <i>carthlicum</i> Var. <i>turanicum</i>	
Hexaplóide (2n=42)					
<i>T. aestivum</i> L.	ABD		Var. <i>spelta</i> Var. <i>macha</i> Var. <i>vavilovii</i>	Var. <i>aestivum</i> Var. <i>compactum</i> Var. <i>sphaerococcum</i>	

⁽¹⁾ Não foram apresentadas todas as espécies do gênero *Aegilops*.
Fonte: Adaptado de Feldman et al. (1995).

necessidades ecológicas e na distribuição geográfica de cada uma. Dados citogenéticos também têm confirmado a classificação taxonômica ao mostrar que cada espécie contém um genoma distinto (KIHARA, 1954). A descrição de cromossomos dos diferentes genomas mostra que eles apresentam pequena afinidade entre si. Como consequência, eventuais híbridos interespecíficos têm pareamento cromossômico irregular durante a meiose, o que determina esterilidade (FELDMAN et al., 1995). Isso submete essas espécies diplóides ao isolamento reprodutivo, caracterizando a divergência genética.

As espécies de trigo poliplóides são exemplos clássicos de evolução por anfiploidia, isto é, pela união de genomas de espécies diferentes. Os poliplóides podem surgir por duplicação de células somáticas ou, sexualmente, por fusão de gametas citologicamente não reduzidos. Já houve muita discussão, desde o início do século, em torno dessas duas teorias; entretanto, nos dias de hoje já é admitida como mais provável – considerando-se todas as informações atuais – a origem pela união de gametas não reduzidos. Sendo assim, se há na natureza espécies poliplóides oriundas de duplicação somática, elas são muito pouco freqüentes (SCHIFINO-WITTMANN, 2004). Segundo Harlan e De Wet (1975), os casos de poliploidia somática são raros e de difícil comprovação científica.

Ainda assim, pesquisadores que se dedicam ao estudo da evolução do trigo, entre os quais se destaca Moshe Feldman, afirmam que cada espécie poliplóide de trigo pode ser identificada como o resultado de uma hibridação seguida de duplicação cromossômica (Fig. 1); portanto, a poliploidização do trigo teria ocorrido depois da fertilização, em células somáticas. Contudo, tal afirmação não significa, necessariamente, que esses pesquisadores sejam contrários à teoria dominante de que os poliplóides surgiram pela união de gametas não reduzidos; pode significar apenas que o trigo é um dos raros exemplos de poliplóides originados por duplicação somática. A aloploidia natural que originou os poliplóides do gênero *Triticum*

tem sido verificada pela análise de híbridos entre espécies de diferentes níveis de ploidia.

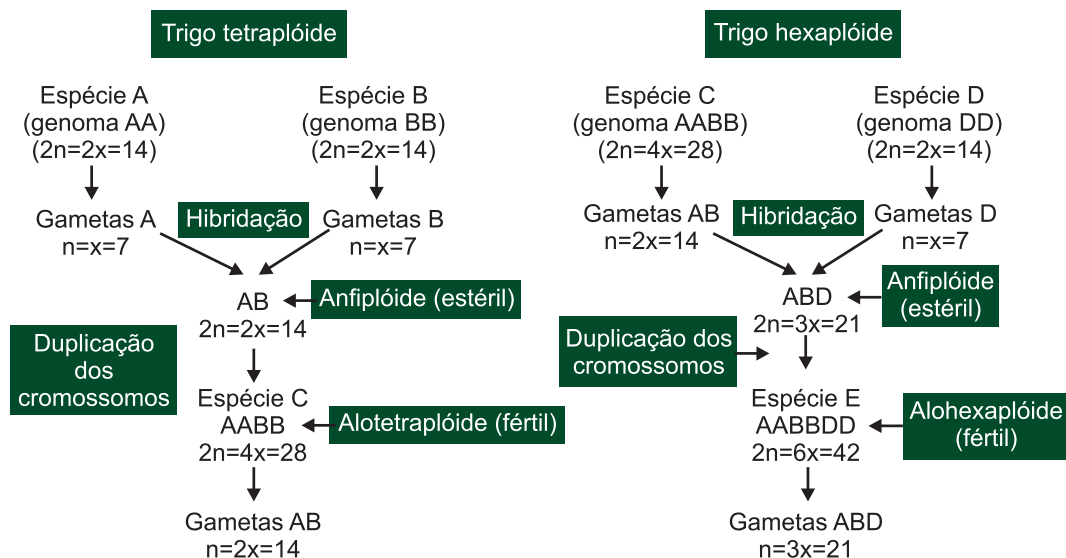


Fig. 1. Representação do processo de formação dos trigos poliplóides.

Tradicionalmente, os poliplóides são classificados em autopoliplóides, originados pela duplicação de um mesmo genoma; e alopoliplóides, originados pela duplicação de genomas distintos (SCHIFINO-WITTMANN, 2004). Um terceiro tipo, intermediário aos dois primeiros, é descrito por Stebbins (1971). Trata-se dos poliplóides segmentares, originados pela duplicação de genomas de espécies próximas o suficiente para apresentarem homeologia (homologia parcial) cromossômica. Considerando-se que os diferentes genomas do trigo são estreitamente relacionados, uma vez que se originaram de um mesmo ancestral, os poliplóides estão mais para segmentares do que para alopoliplóides genômicos típicos. Mas, apesar da existência de homeologia cromossômica entre os genomas do trigo, os poliplóides se comportam como anfiploides típicos: seus cromossomos pareiam como se fossem diplóides, e o modo de herança é dissômico. E parece que esse comportamento é comum em poliplóides estabelecidos, pois mesmo tendo mais de dois genomas iguais ou similares, ao longo do tempo eles tendem a se comportar como diplóides.

Existem cada vez mais evidências de que pode ocorrer uma ampla, e muitas vezes rápida, mudança genômica após a formação dos poliplóides, em todos os níveis do genoma, do DNA ao cromossomo. Estudos recentes em várias espécies poliplóides mostram que a diploidização – processo evolutivo pelo qual o genoma poliplóide se transforma em um diplóide – ocorreu por uma ampla reestruturação, com alterações e mudanças no nível gênico, incluindo evolução coordenada, silenciamento gênico, reestruturação cromossômica, ação de transposons e novos padrões de expressão gênica. Contudo, a base genética da diploidização ainda é um grande mistério (SCHIFINO-WITTMANN, 2004).

O comportamento diplóide dos trigos poliplóides se deve à ação de um gene específico que suprime o pareamento de cromossomos homeólogos (que são parcialmente homólogos). No hexaplóide *T. aestivum*, esse gene é conhecido como Ph 1 e se localiza no braço longo do cromossomo 5 do genoma B (RILEY; CHAPMAN, 1958).

O desenvolvimento desse mecanismo de diploidização foi essencial para a evolução e a domesticação dos trigos poliplóides. Restringindo o pareamento aos cromossomos completamente homólogos (que apresentam a mesma morfologia e são portadores dos mesmos genes), o gene de diploidização promoveu a segregação regular do conjunto cromossômico e a alta estabilidade genética dessas espécies. Trigos poliplóides sintéticos que não contêm esse gene são parcialmente estéreis, em razão de desordens no pareamento cromossômico durante a meiose. Uma outra vantagem desse mecanismo é que ele facilita a diploidização genética, pois os genes presentes em dose dupla ou tripla podem ser direcionados para novas funções.

De acordo com Feldman et al. (1995), são reconhecidos três grupos de poliplóides, e as espécies dentro de cada grupo têm um genoma em comum, que diferem em relação aos demais. Os poliplóides do primeiro grupo compartilham o genoma A dos trigos diplóides, *T. monococcum*

(A^m) e *T. urartu* (A^u); os do segundo grupo apresentam o genoma D do *Aegilops tauschii* sin. *Ae. squarrosa*; e aqueles do terceiro grupo partilham o genoma U do *Ae. umbellulata*. Os poliplóides de cada grupo se parecem com o doador do genoma do eixo comum, particularmente na estrutura da espiga. Os trigos poliplóides cultivados pertencem ao primeiro grupo. A espiga em forma de lança do trigo diplóide silvestre pode ser reconhecida nos poliplóides silvestres, enquanto a espiga menos quebradiça do cultivado *T. monococcum* var. *monococcum* reaparece nos poliplóides cultivados, que compreendem os tetraplóides *T. turgidum* (AABB) e *T. timopheevi* (AAGG) e o hexaplóide *T. aestivum* (AABBDD).

Tem ampla aceitação na comunidade científica a teoria de que o trigo hexaplóide se originou de duas hibridações independentes seguidas de duplicações espontâneas dos cromossomos desses híbridos. Entretanto, ainda não existe consenso quanto às espécies diplóides que teriam originado os poliplóides. O hexaplóide *T. aestivum* (AABBDD) contém dois genomas homólogos aos genomas A e B do *T. turgidum*. Esse fato sustenta a hipótese de que o *T. aestivum* teria surgido da hibridação entre o *T. turgidum* e uma espécie diplóide com o genoma D.

A identificação das espécies doadoras dos genomas B, G e D tem sido objeto de estudos citogenéticos intensivos. O doador do genoma D do trigo hexaplóide foi identificado como o silvestre *Ae. tauschii* (McFADDEN; SEARS, 1946). A comprovação desses trabalhos de identificação foi obtida por meio de hexaplóides sintéticos oriundos de cruzamentos artificiais entre *Ae. tauschii* e diferentes variedades de *T. turgidum*, os quais mostraram grande semelhança com o hexaplóide estabelecido *T. aestivum*. Frequentemente, híbridos entre sintéticos e hexaplóides naturais são altamente férteis. Mais recentemente, estudos moleculares também têm corroborado essa teoria. Huang et al. (2002), ao verificarem que seqüências do genoma D de *T. aestivum* e de *Ae. tauschii* são idênticas confirmaram que *T. aestivum*

resultou da hibridação de *T. turgidum* com *Ae. tauschii* há apenas 8 mil anos.

Os genomas A e B do trigo hexaplóide poderiam ter sido doados tanto pelo silvestre *T. turgidum* var. *dicoccoides* quanto pelo cultivado *T. turgidum* var. *dicoccum*, mas as evidências geográficas têm apontado para o cultivado. A distribuição do silvestre *T. dicoccoides* se sobrepõe à do *Ae. tauschii* somente em uma área muito limitada no oeste do Irã e no leste da Turquia, enquanto o trigo cultivado *T. turgidum*, especialmente var. *dicoccum*, de tempo em tempo era semeado ao longo da área de distribuição do *Ae. tauschii*. Além disso, e considerando-se o modo de dispersão das sementes do tetraplóide silvestre *dicoccoides* e do *Ae. tauschii*, seria muito pouco provável que um anfiplóide originado dessas duas espécies fosse capaz de disseminar efetivamente as suas sementes – o que, fatalmente, resultaria na sua rápida eliminação. Sendo assim, parece mais razoável que o hexaplóide tenha se originado nos campos de trigo depois da dispersão do cultivado *T. turgidum* dentro da área do *Ae. tauschii*. Isso poderia explicar também o motivo pelo qual o trigo hexaplóide, em contraste com a maioria dos outros cereais, tem parentes não-silvestres (FELDMAN et al., 1995).

A julgar por sua enorme variabilidade, os trigos hexaplóides foram provavelmente formados por numerosos cruzamentos recorrentes envolvendo diferentes tipos de *Ae. tauschii*. O doador do genoma D cresce hoje dentro e nas margens de campos de trigo no Irã e na Armênia. Em geral, híbridos naturais entre tetraplóides e *Ae. tauschii* podem ser encontrados nessas regiões, e freqüentemente alguns grupos aparecem com 42 cromossomos em razão da formação de gametas não reduzidos. *Ae. tauschii* também tem amplo contato geográfico com *T. timopheevi* (AAGG) em suas formas silvestre e cultivada, mas não se conhece nenhum hexaplóide natural derivado dessas duas espécies.

Mesmo não havendo mais dúvidas em relação às duas espécies das quais se originou o hexaplóide *T. aestivum*, ainda era preciso elucidar que espécies diplóides teriam cruzado

para formar o tetraplóide *T. turgidum*. Contrastando com a relativa facilidade com que o doador do genoma D foi encontrado, a identificação da espécie doadora do genoma B do tetraplóide parece ainda estar longe de ser concluída. Evidências morfológicas, geográficas e citológicas têm sido usadas para relacionar o diplóide silvestre *Ae. speltoides* (genoma S) ao surgimento do *T. turgidum*. Entretanto, dados citogenéticos indicam que o *Ae. speltoides* pode ser tanto o doador do genoma G do *T. timopheevi* quanto do genoma B do *T. turgidum*. Híbridos entre essas duas espécies tetraplóides apresentam sinapse parcial e alta esterilidade, indicando que o genoma B do *T. turgidum* não é homólogo ao genoma G do *T. timopheevi*. Os dois contribuintes tetraplóides poderiam ter surgido por cruzamentos entre formas silvestres do *T. monococcum* e duas espécies diplóides distintas (Fig. 2), ou por origem monofilética (FELDMAN et al., 1995).

Segundo Miller (1987), uma homologia incompleta entre os genomas S e G tem contribuído para a suposição de que G sofreu algumas modificações no nível tetraplóide. Na hipótese de que os genomas B e G são monofiléticos (Fig. 3), B poderia ter se diferenciado de G a partir do silvestre *T. timopheevi*, ou de um tetraplóide mais antigo de constituição AASS. De qualquer forma, nos dois casos os genomas B e G teriam de ser considerados como genomas S modificados (FELDMAN et al., 1995).

a) *T. timopheevi* e *T. turgidum* se originaram de cruzamentos com espécies diplóides distintas.

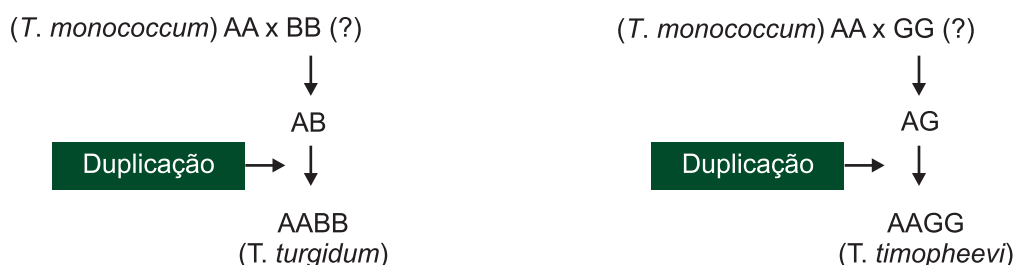


Fig. 2. Representação de algumas hipóteses propostas para explicar a origem dos trigos tetraplóides.

b) *T. timopheevi* e *T. turgidum* se originaram do mesmo cruzamento.

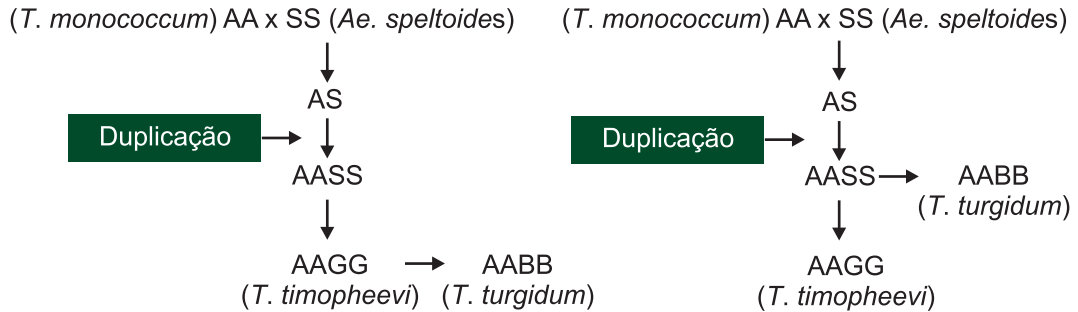


Fig. 3. Representação de algumas hipóteses propostas para explicar a origem dos trigos tetraplóides.

A ocorrência de um genoma modificado ou de genomas lado a lado onde um deles permanece estável (muito similar àquele de um diplóide existente) é característica não só de poliplóides com genoma A, mas de todos os genomas do gênero *Triticum*. Acredita-se que essa constituição tenha resultado de hibridação entre poliplóides iniciais que compartilhavam um genoma e diferiam em um ou dois outros (ZOHARY; FELDMAN, 1962). Tais hibridações são facilitadas pelo genoma compartilhado, o qual atua como um tampão que assegura certa fertilidade aos híbridos resultantes. Nesses híbridos, os dois genomas diferenciais (originados de genitores diferentes) podem trocar constituintes genéticos que se tornam assimilados. Da mesma forma, nos poliplóides com o genoma A o anfiplóide inicial (AASS) poderia ter trocado segmentos de cromossomos com outro anfiplóide ou com diplóides como *Ae. longissima* (genoma S^l), *Ae. bicornis* (genoma S^b) ou outros. Como resultado dessas introgressões (incorporações de pedaços de cromossomos de outras espécies por meio de sucessivos retrocruzamentos), o genoma S teria se modificado em diferentes direções, originando G e B (FELDMAN et al., 1995).

Durante muitos anos, evidências morfológicas, citogenéticas e geográficas sustentaram o *T. monococcum* como doador do genoma A dos trigos poliplóides. Entretanto, Huang et al.

(2002), analisando seqüências dos genes *Acc-1* (plastídio acetil-CoA carboxilase) e *Pgk-1* (plastídio 3-fosfoglicerato quinase) de *Triticum* e de *Aegilops* para determinar relações filogenéticas entre essas espécies e estabelecer a cronologia da evolução do trigo, apontaram o *T. urartu* (genoma A^u) como doador do genoma A dos trigos tetraplóides e hexaplóides. O genoma A do tetraplóide *T. turgidum* teria divergido daquele do *T. urartu* há menos de 500 mil anos, indicando uma origem relativamente recente dos poliplóides. Como consequência, hoje o modelo que explica a origem dos trigos poliplóides substitui *T. monococcum*, genoma A^m, por *T. urartu*, genoma A^u (Fig. 4).

Em contraste com os diplóides, que são geneticamente isolados uns dos outros e sofreram evolução divergente, os poliplóides apresentam evolução convergente porque contêm constituintes genéticos de dois ou três genomas diplóides diferentes e podem, por hibridação ou introgressão, trocar genes entre si, resultando em numerosas recombinações genômicas. Sendo assim, os poliplóides têm importância evolutiva, sobretudo porque facilitaram a formação de uma superestrutura que reúne constituições genéticas de diplóides isolados, permitindo a recombinação. Para Feldman et al. (1995), a poliploidia, reforçada pelo mecanismo de diploidização e por uma predominante endogamia, provou ser um sistema genético muito bem-sucedido. A vantagem evolutiva dos poliplóides sobre os diplóides seria, portanto, óbvia, e estaria refletida na sua ampla variação morfológica e adaptabilidade a diferentes ambientes.

Outra teoria, entretanto, contrapõe-se a essa com o argumento de que nos diplóides uma simples mutação adaptativa poderia ter efeito direto no ajuste da constituição genética da espécie a um ambiente distinto, enquanto nos poliplóides o poder tampão atuaria encobrendo o efeito de uma mutação que ocorresse em apenas um dos genomas. Isso, portanto, reduziria a capacidade adaptativa dos poliplóides num curto espaço de tempo.

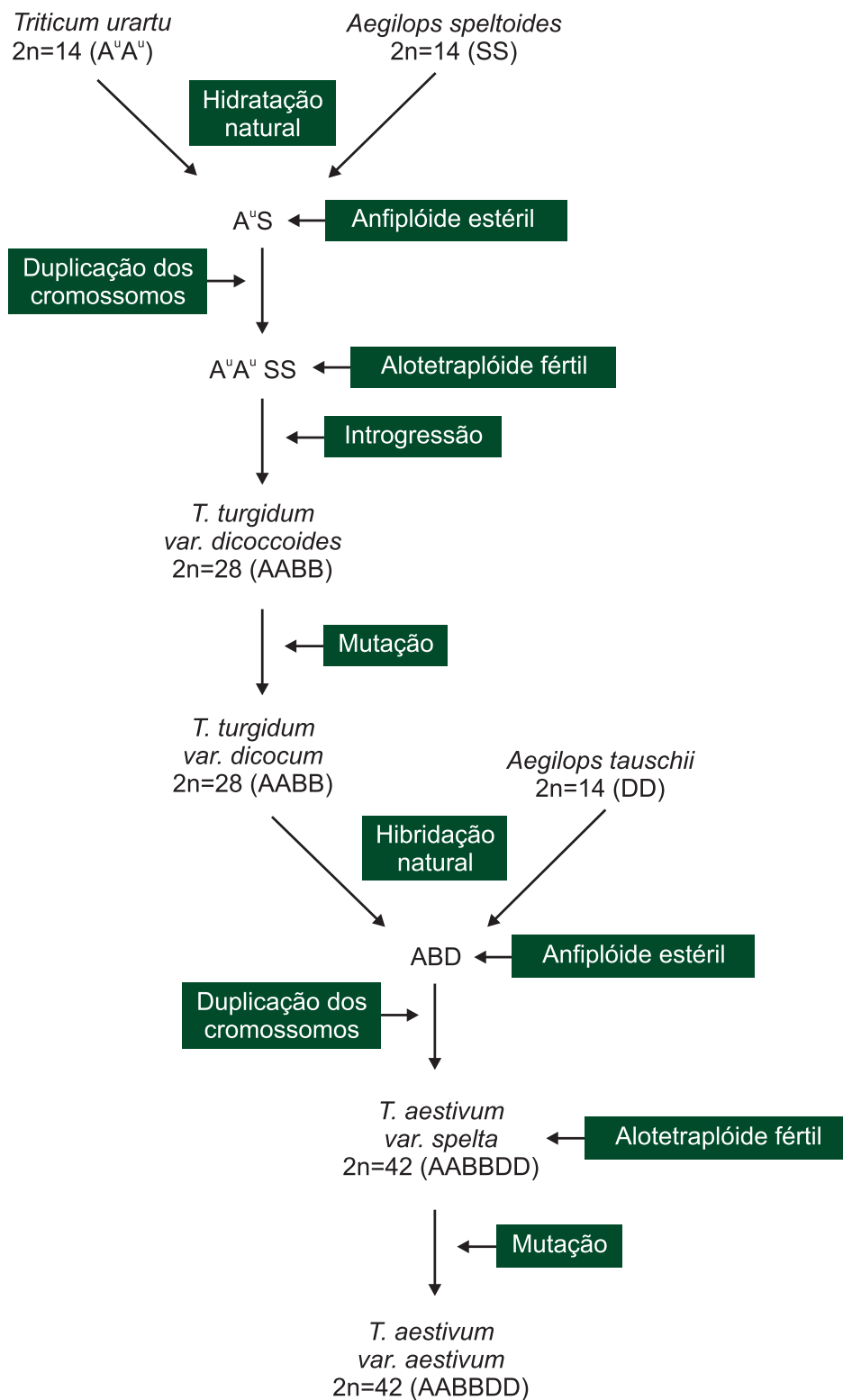


Fig. 4. Representação da origem e evolução do trigo.

História antiga

Vestígios fósseis da cultura do trigo foram encontrados em antigos povoados agrícolas numa região conhecida como Crescente Fértil, no sudoeste da Ásia (Oriente Próximo). O Crescente Fértil era uma região propícia à agricultura, que abrangia uma faixa de terra em forma de meia-lua (lua crescente) partindo da costa leste do Mar Mediterrâneo, avançando na direção do Golfo Pérsico e incluindo toda a Mesopotâmia (área entre os rios Tigre e Eufrates).

As evidências mais remotas da utilização do trigo vieram do sítio Ohalo II em Israel, onde foi encontrado o tetraplóide silvestre *T. diccoides*, datando de 17 mil anos a.C. (KISLEV, 1992); mas é possível que tenha sido utilizado em período anterior, já que uma amostra dessa espécie foi encontrada em Nohel Oren (Israel) datando de 28 mil anos a.C. Os achados mais antigos de trigo cultivado são do tetraplóide *T. diccoccum*, em Tel Aswad, na Síria, e do diplóide *T. monococcum* em Tel Abu Hureyra, também na Síria, datados de 8.000 e 7.500 anos a.C., respectivamente (ZOHARY; HOPF, 1988). No decurso da domesticação, essas duas espécies se dispersaram do Oriente Médio para a Europa Central e Ocidental (Fig. 5 e 6). O tetraplóide *T. diccoccum* chegou às Ilhas Britânicas antes de 4 mil anos a.C. Atualmente, esses trigos antigos são mantidos como culturas na Espanha, na Itália, na Turquia, nos Bálcãs e na Índia, pelo seu valor histórico (FELDMAN et al., 1995).

Os tetraplóides silvestres *T. timopheevi* var. *araraticum* e *T. turgidum* var. *diccoides* são morfologicamente indistinguíveis e, considerando-se suas atuais distribuições geográficas, admite-se que vestígios arqueológicos (grãos carbonizados, espiguetas e impressões na argila) encontrados no Jarmo e no Cayonu Tepesi, entre 6.500 e 7.000 anos a.C., possam pertencer a qualquer uma dessas duas espécies. Da forma cultivada do *T. timopheevi* originou-se somente um número restrito de cultivares, todas encontradas na Armênia e na Transcaucásia; enquanto o *T. diccoccum* é o

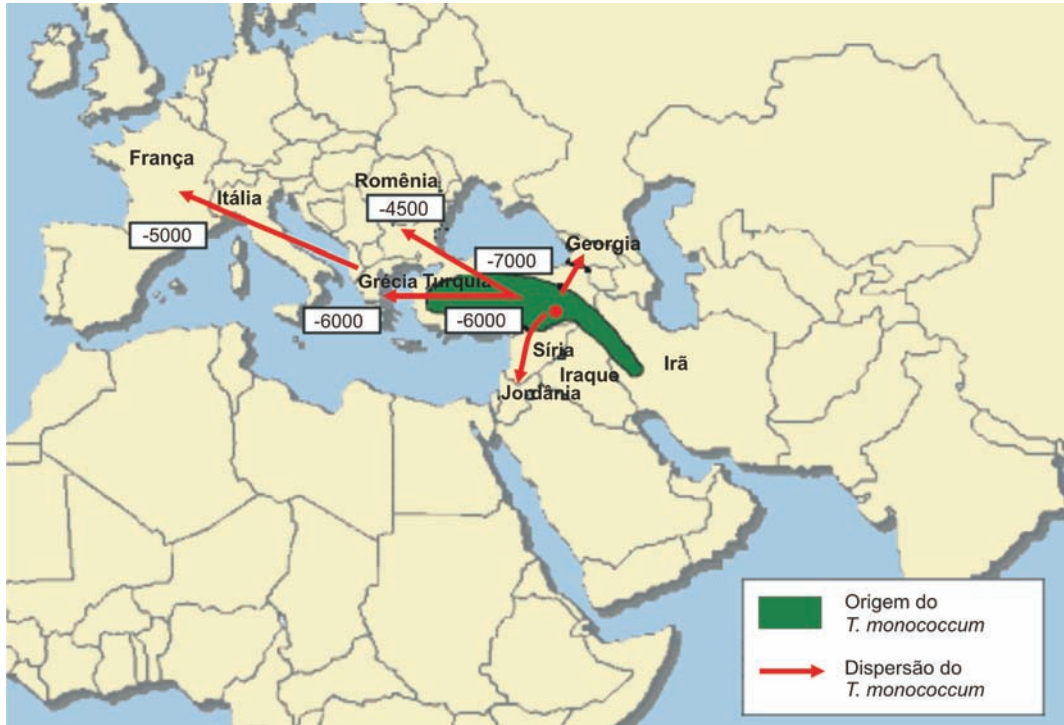


Fig. 5. Origem e dispersão do diplóide *T. monococcum* (einkorn).
 Fonte: Agropolis Museum (2006).

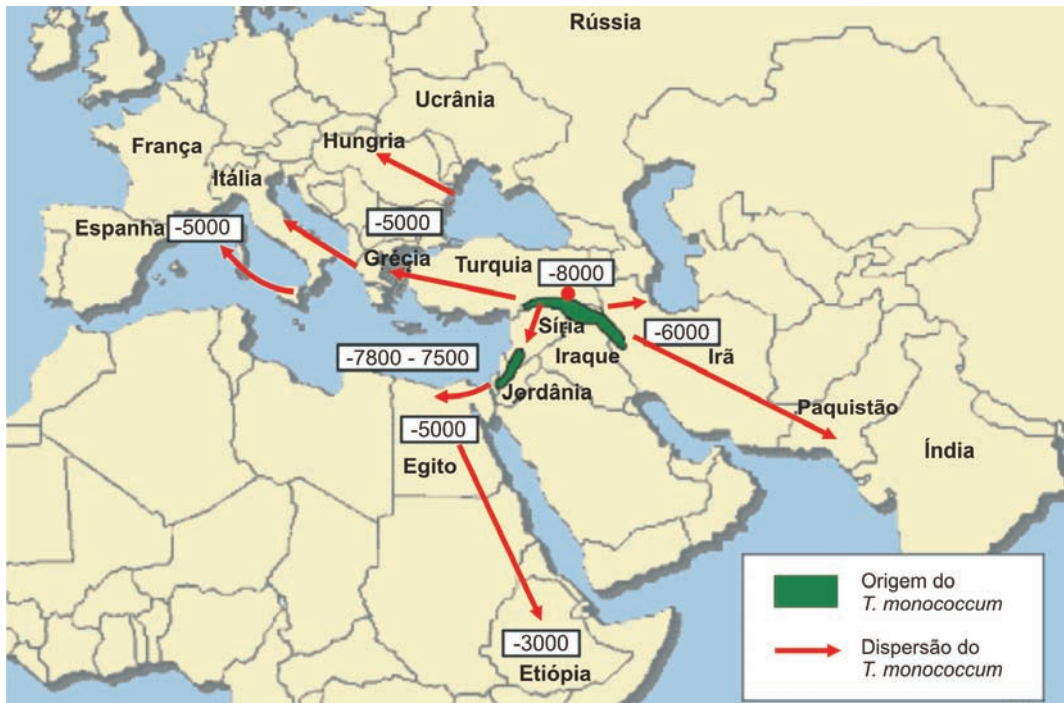


Fig. 6. Origem e dispersão do tetraplóide *T. turgidum* (emmer).
 Fonte: Agropolis Museum (2006).

predecessor da maioria dos trigos cultivados tetraplóides e hexaplóides, tendo ocorrido em povoados pré-históricos do Oriente Próximo por volta de 8 mil anos a.C. Durante o sétimo milênio a.C., a variedade *diccicum*, junto com o *T. monococcum*, teve uma rápida dispersão pelas áreas agrícolas do Oriente Próximo. O diplóide *T. monococcum* era conhecido como “einkorn” por apresentar apenas um grão por espiguetas, enquanto as variedades *diccoides* e *diccicum* do tetraplóide *T. turgidum*, que possuem dois grãos por espiguetas, popularizaram-se como “emmer”. É possível que formas silvestres de ambos – einkorn e emmer – tenham sido colhidas por todo o Crescente Fértil da Mesopotâmia e da Síria muito tempo antes do desenvolvimento da agricultura planejada. É provável que o cultivo de cereais tenha se iniciado em áreas adjacentes das regiões de maior abundância de formas silvestres, como Ali Kosh (Irã), Tell es Sawwan (planícies da Mesopotâmia), Tel Ramad (Síria), Jericó (Israel) e Beidha (Jordânia).

Evidências acumuladas nos últimos anos indicam que a agricultura não teve suas origens nos férteis vales dos rios da Mesopotâmia, que se tornaram importantes centros da civilização primitiva, mas em regiões montanhosas e semi-áridas próximas. A datação de foices de sílex e moinhos de pedra, descobertas feitas nessas regiões, indica que o homem começou a colheita de grãos antes de 8 mil anos a.C., e mil anos mais tarde esses grãos já eram cultivados (HEISER, 1977).

Os primeiros cereais domesticados foram a cevada e o trigo. No início do processo de domesticação, o homem colhia as sementes maiores para alimentar-se, e daquelas que não eram colhidas se originava, espontaneamente, a próxima geração. Assim, se existia qualquer pressão de seleção, era a favor dos caracteres do tipo silvestre. Entretanto, logo que o homem começou a semear parte de sua colheita, essa situação mudou drasticamente. Passaram a existir duas populações, uma espontânea e outra cultivada pelo homem, e as pressões de seleção que atuavam sobre elas eram em sentidos opostos.

As melhores sementes colhidas passaram a ser utilizadas para semear a população cultivada; desse modo, qualquer modificação genética que melhorasse a recuperação e a competição da semente no novo ambiente era selecionada. Como consequência, a seleção automática para conjuntos de caracteres inter-relacionados foi rapidamente estabelecida (HARLAN, 1992).

Sob muitos aspectos, o trigo pode ser considerado uma espécie extremamente adaptada à domesticação. Suas sementes grandes eram um atrativo para o coletor antigo, e seu hábito anual, que lhe permitia escapar da estação seca, era apropriado para a agricultura naquele tipo de ambiente. Além disso, o sistema de autopolinização predominante teria ajudado na fixação de mutantes desejáveis e de recombinantes resultantes de eventos raros de cruzamentos naturais. Ao mesmo tempo em que ocupava os solos pobres e rochosos de seus sítios naturais, o trigo silvestre mostrava resposta adequada quando transferido para ambientes mais ricos (FELDMAN et al., 1995).

A domesticação do trigo, contudo, foi limitada pela estrutura das espigas e pelo método de dispersão das sementes. Os trigos silvestres são caracterizados por espigas quebradiças que se desarticulam liberando as espiguetas quando maduras. Essas espiguetas têm formato de lança e se constituem nas unidades de dispersão das sementes. Mas, ao mesmo tempo em que a espiga quebradiça, ao liberar suas espiguetas, facilitava a penetração das sementes no solo, ela se tornava um inconveniente para o agricultor antigo, que era obrigado a coletar as sementes da terra ou cortar os colmos antes que eles atingissem a maturação. Não é surpresa, portanto, que plantas com espigas não quebradiças fossem inconscientemente selecionadas desde o início da domesticação. Outra característica das espiguetas de trigos silvestres é o fato de as duas glumelas (pálea e lema) que envolvem o antécio ficarem aderidas ao grão, de modo que, mesmo depois da debulha, os grãos permanecem recobertos pelas glumelas. Em cultivares de trigo modernas, essa característica é rara, pois as plantas que se

dispersaram sob domesticação são derivadas de mutantes com glumelas frouxas que liberam facilmente seus grãos na debulha. Essas formas são conhecidas como espécies de debulha livre ou de grão nu.

O emmer foi a variedade cereal de maior destaque nos primeiros povoados agrícolas do Oriente Próximo. Os trigos duros presumivelmente se originaram do emmer cultivado por um acúmulo de mutações que foram reduzindo a dureza das glumelas até que a debulha livre fosse atingida. A maioria dos outros trigos tetraplóides de grão nu pode ter origem relativamente recente, distinguindo-se da variedade *durum* em poucos caracteres e compartilhando o sistema genético que determina a debulha livre. O *T. turgidum* var. *carthlicum* é o único tetraplóide conhecido que possui um complexo gênico diferente determinando a debulha livre. Esse complexo é conhecido como fator Q e está presente também nos trigos hexaplóides. A estreita distribuição do *T. carthlicum* na Transcaucásia pode indicar que essa variedade tem origem recente, possivelmente por hibridação com um hexaplóide do grupo *aestivum* (FELDMAN et al., 1995).

O hexaplóide *T. aestivum* provavelmente teve origem e foi introduzido para cultivo somente depois da domesticação mais ou menos simultânea das formas diplóides e tetraplóides. Os primeiros achados arqueológicos do hexaplóide são de Can Hasan, na Turquia (antiga Anatólia), datados de 7 mil anos a.C. Outras descobertas, identificadas como formas ancestrais dos hexaplóides de debulha livre, foram desenterradas em Tepe Sabz (Curdistão iraniano), em Tell es Sawwan (Iraque), em Çatal Hüyük e Hacilar (Turquia), e em Knossos (Creta). Entre 6 mil e 5 mil anos a.C., o hexaplóide alcançou a agricultura irrigada das planícies da Mesopotâmia e do oeste do Irã, chegando à bacia do Nilo no quinto milênio a.C. (Fig. 7). Formas densas de *T. aestivum* foram cultivadas, no fim do quarto milênio a.C., na Europa Central e Ocidental, onde foram encontradas associadas com os primeiros traços de atividade agrícola junto com o einkorn e o emmer (FELDMAN et al., 1995).



Fig. 7. Origem e dispersão do hexaplóide *T. aestivum*.

Fonte: Agropolis Museum (2006).

Enquanto os trigos tetraplóides, originários do Oriente Próximo, adaptavam-se a invernos temperados e a verões pouco chuvosos, o genoma D, oriundo da Ásia Central, deve ter contribuído para a adaptação dos trigos hexaplóides a climas continentais. Isso pode ter facilitado a dispersão do trigo comum para a Ásia Central, e daí para o Vale Indus, onde apareceu no início do sexto milênio a.C. As evidências mais antigas registradas na China são da metade do terceiro milênio a.C.

Os hexaplóides variedades *spelta*, *vavilovii* e *macha* têm grãos com glumelas aderidas, enquanto as variedades *aestivum*, *compactum* e *sphaerococcum* expressam o caráter debulha livre e são consideradas mais avançadas (Tabela 1). O fator genético composto que determina o caráter grão nu (fator Q) está localizado no cromossomo 5 do genoma A e pode ter surgido do gene recessivo *q*, das variedades com glumelas aderidas ao grão, por uma série de mutações. Cinco alelos do gene *q* do *T. spelta* têm o mesmo efeito que dois

alelos de *Q*. A teoria de que os trigos hexaplóides de grãos com glumelas aderidas são mais primitivos tem sido sustentada por evidências genéticas (Fig. 8). Quase todos os trigos tetraplóides, tanto de grão nu quanto de grão com glumelas aderidas, foram cruzados com todas as raças conhecidas de *Ae. tauschii* e originaram tipos com glumelas aderidas ao grão. Somente a variedade *carthlicum*, que contém o fator *Q* dos hexaplóides, produz formas de grão nu quando cruzada com *Ae. tauschii*. Tipos como *aestivum* e *compactum* aparecem como segregantes de cruzamentos entre *spelta* iraniano e *spelta* europeu, indicando que essas formas provavelmente contenham loco de *q* composto que pode recombinar em híbridos, produzindo locos duplicados ou até mesmo triplicados. O efeito desses locos múltiplos se assemelha àquele do fator *Q* (FELDMAN et al., 1995).

Contudo, esses resultados genéticos não estão de acordo com a cronologia arqueológica. Apesar do *T. aestivum* ter sido abundante no Oriente Próximo pré-histórico a partir do sexto milênio a.C., ainda não foram encontradas indicações do cultivo de *T. spelta* ou de outras formas com glumelas aderidas ao grão antes de 2 mil anos a.C. Além disso, na Europa Central o *T. spelta* apareceu cerca de mil anos mais tarde que as formas compactas de trigo com debulha livre. Se os primeiros hexaplóides possuíam grãos com glumelas aderidas, a ausência dessas formas nos restos pré-históricos no Oriente Próximo indica que eles não foram cultivados naquela área, possivelmente por não apresentarem vantagem em relação ao emmer cultivado. Entretanto, atualmente o *T. spelta* é cultivado em ambientes extremos, próximos à área de contato entre *T. dicoccum* e *Ae. tauschii* – e é possível que esse cultivo seja de origem antiga. Existem duas hipóteses para o surgimento do trigo *spelta* na Europa. A primeira sugere que o hexaplóide foi levado para lá relativamente tarde (2 mil anos a.C.), substituindo o tipo de espiga densa e debulha livre cultivado pelos habitantes lacustres da região do alto Reno, particularmente em altitudes elevadas, onde as temperaturas eram extremas. Pela segunda hipótese, o *T. spelta*

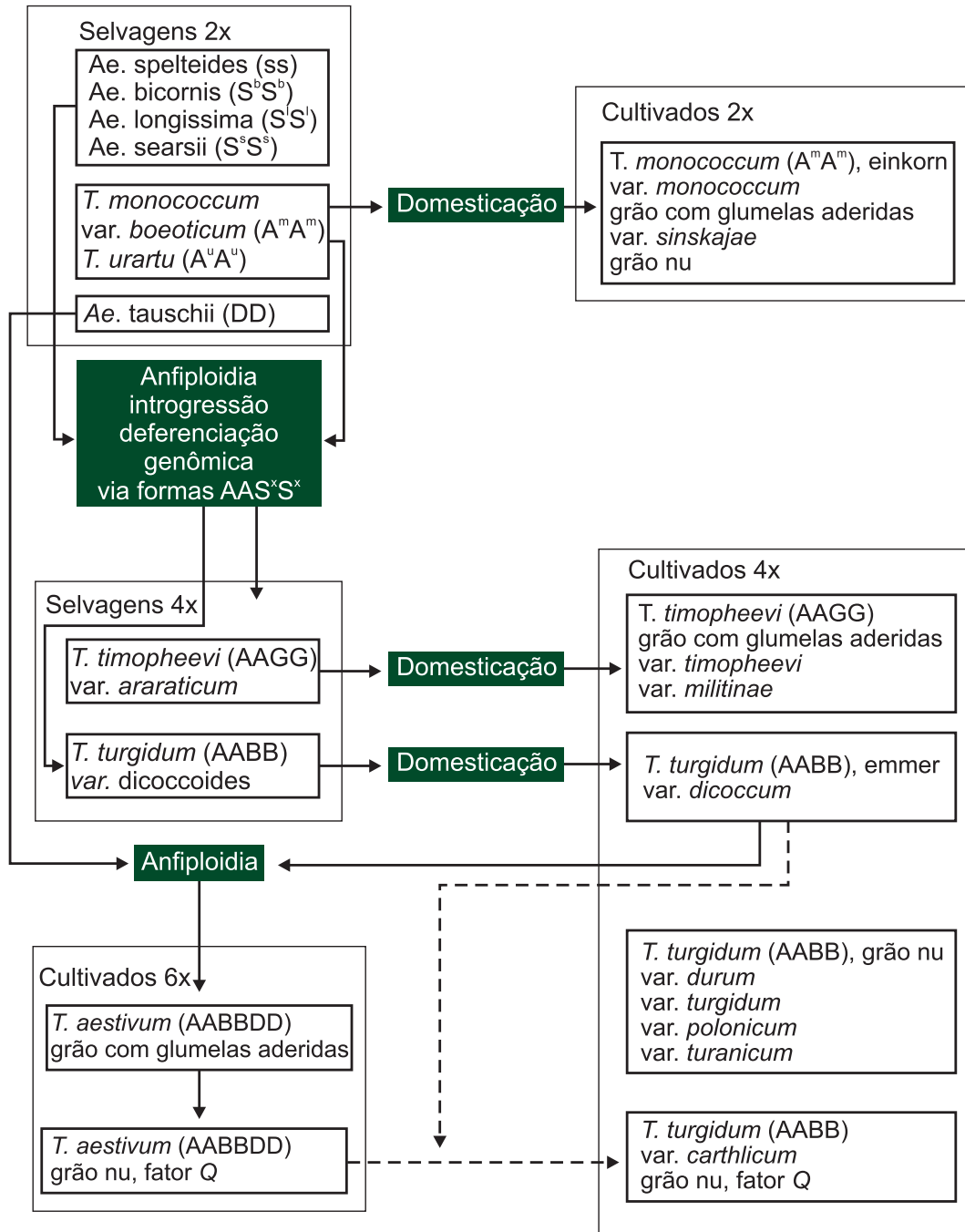


Fig. 8. Relações evolutivas entre os trigos *Triticum* e *Aegilops*.
 Fonte: Feldman et al. (1995).

teria ressurgido no vale do Reno como resultado de um cruzamento entre uma forma hexaplóide de espiga densa e o tetraplóide *T. dicoccum*, ambos já cultivados na região. Tal cruzamento poderia produzir progênes hexaplóides

que não possuísem o fator *Q* do genitor de espiga densa e debulha livre (FELDMAN et al., 1995).

O hexaplóide de grão nu, mais adaptado economicamente, pode ter competido com, ou substituído, o tetraplóide emmer antes do surgimento dos tetraplóides de grão nu. Do *T. aestivum* var. *aestivum* originaram-se as variedades *compactum* e *sphaerococcum* por mutação. A variedade *compactum* é cultivada hoje em áreas restritas da Europa, no Oriente Próximo e no noroeste dos Estados Unidos, enquanto a variedade *sphaerococcum* é semeada na Ásia Central e em partes da Índia, onde é conhecida desde o terceiro milênio a.C.

De acordo com Feldman et al. (1995), os trigos diplóides e tetraplóides foram cultivados primeiramente na área de Zagros, enquanto os hexaplóides se originaram no sudoeste do Mar Cáspio. Como o homem migrou para novas áreas, os trigos cultivados encontraram novos ambientes, aos quais responderam com ampla variabilidade, resultando em muitas formas endêmicas, isto é, peculiares a determinadas regiões. Vavilov descreveu centros secundários de variação para o trigo: as planícies da Etiópia e a bacia do Mediterrâneo, para os tetraplóides, e a área Hindu Kush do Afeganistão, para os hexaplóides. A Transcaucásia é um centro secundário de ambos os tipos. Para os melhoristas de trigo, esses centros secundários são valiosos bancos de genes adicionais àqueles que existem nos centros de origem primários.

O trigo hexaplóide chegou ao Novo Mundo logo após sua descoberta, em 1492. Existem diversas lendas sobre a introdução do trigo na América, mas o registro da vinda de sementes de trigo e de cevada para cultivo remonta à segunda viagem de Cristóvão Colombo ao continente, em 1493. Segundo Arias (1999), não se sabe se foi a partir dessa primeira introdução que o trigo se propagou para o resto do continente, mas é certo que essas sementes foram efetivamente semeadas em 1493 pelos espanhóis que ficaram, e que o resultado não foi positivo. Na América do Sul o trigo foi semeado pela primeira vez em 1527, na atual

Província de Santa Fé, na Argentina. Depois da conquista do Peru, em 1531, o cultivo do trigo se expandiu pelas áreas mais elevadas dos Andes, suplantando o “trigo do Inca” (*Amaranthus* e *Quinoa*).

No Brasil, o trigo foi introduzido provavelmente por Martim Afonso de Souza, em 1534, e expandiu-se da Capitania de São Vicente para outras regiões do País, acompanhando os deslocamentos das populações de origem européia ou os trabalhos de catequização realizados pelas missões religiosas (SOUSA; ROSA, 1985).

História recente

As cultivares de trigo modernas foram desenvolvidas em três principais fases: a) seleção subconsciente pelos produtores de alimento mais antigos, simplesmente pelo processo de colher e semear; b) seleção com caráter predominantemente intencional em meio a populações geneticamente variáveis, em campos de agricultores primitivos ou medievais; c) seleção cientificamente planejada, no melhoramento moderno. Os principais resultados da primeira fase de seleção foram: espigas não quebradiças, amadurecimento simultâneo dos grãos; germinação rápida e sincronizada e, talvez, colmos um pouco mais eretos e espigas com debulha livre. Também foi nessa fase que o cultivo do trigo se expandiu para novas áreas, permitindo que a cultura expressasse adaptação a diferentes ambientes. Na segunda fase, os agricultores antigos selecionavam e semeavam os grãos mais desejáveis para cada necessidade específica. A pressão de seleção foi, portanto, exercida conscientemente, mas em diferentes direções por diversos agricultores. Esses esforços resultaram em ganho de rendimento, aumento do tamanho do grão, melhor qualidade da farinha e ampla adaptação a diferentes climas e sistemas de cultivo. Além disso, a mistura de numerosos genótipos em um mesmo campo permitiu que os genótipos à disposição dos agricultores

primitivos fossem melhorados pela ocorrência ocasional de combinações e de recombinações desejáveis (FELDMAN et al., 1995).

Sob condições modernas, os campos de trigo têm se tornado tão uniformes geneticamente que trocas de genes espontâneas são bem menos prováveis. Por outro lado, a migração de genes tem crescido enormemente com a introdução e a troca de cultivares ao redor do mundo. Nos séculos 17 e 18, começaram de forma efetiva os trabalhos voltados para o melhoramento de plantas cultivadas, por meio de intercâmbio de genótipos, hibridações artificiais e seleções planejadas. Com a redescoberta dos trabalhos de Mendel, no século 20, novas técnicas para identificação e manipulação de genes desejáveis foram surgindo. Entretanto, as hibridações têm se restringido principalmente a cruzamentos intra-específicos e pouco uso tem sido feito dos bancos de genes de diplóides e tetraplóides no melhoramento de hexaplóides.

Atualmente, as técnicas de seleção podem alcançar os objetivos dos agricultores primitivos com muito mais certeza. Cultivares de alto rendimento devem a melhoria do seu desempenho ao aumento genético do número de antécios férteis nas espiguetas, do tamanho das espigas e do número de espigas por planta, o que, em grande parte, determina o índice de colheita, razão entre peso de grão e de palha. Mas o rendimento de grãos é também muito influenciado pela resistência das plantas a moléstias e pragas, e pela capacidade de aproveitamento do nitrogênio aplicado nas lavouras, de modo que os efeitos desses componentes são extremamente inter-relacionados.

Um grande avanço na produtividade do trigo foi alcançado nos anos 1960, a partir de um cruzamento realizado pelo melhorista americano Orville Vogel entre a cultivar norte-americana Brevor e uma cultivar japonesa anã sem importância econômica chamada Norin 10. O resultado foi a cultivar Gaines, lançada em escala comercial no ano de 1961 e largamente utilizada como genitor por

melhoristas na Europa Ocidental (FELDMAN et al., 1995). A notícia sobre o trigo de Vogel também chegou ao Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (Cimmyt), no México, onde Norman Borlaug trabalhava com trigo para obtenção de resistência a diferentes fungos. Borlaug levou sementes de Norin 10 e de híbridos de Norin-Brevor para o México e começou a fazer novos cruzamentos. Em poucos anos ele havia criado um trigo com rendimento de grãos três vezes maior que o anterior. Até 1963, 95 % do trigo do México era composto pela variedade de Borlaug, e a safra do país foi seis vezes maior do que a existente até então (TRIGO..., 2006).

Em 1963, Borlaug foi visitar a Índia, que estava a um passo da fome em massa, e começou a testar três variedades de trigo mexicano. Os resultados foram quatro ou cinco vezes melhores do que os obtidos com as variedades indianas. Os agricultores indianos adotaram os trigos de Borlaug e obtiveram resultados impressionantes. Até 1974, a produção de trigo na Índia triplicou e o país tornou-se auto-suficiente nessa cultura (TRIGO..., 2006). Em 1970, Borlaug recebeu o Prêmio Nobel da Paz por contribuir para a redução da fome por meio da *Revolução Verde*. Os trigos semi-anões tornaram-se as bases da *Revolução Verde* na Índia, no Paquistão, no Irã e na bacia do Mediterrâneo.

Embora a introdução dos trigos semi-anões tenha permitido que muitos países em desenvolvimento adquirissem auto-suficiência na cultura, muitos produtores não tinham condições de fornecer as quantidades crescentes de adubo nitrogenado requeridas por esse tipo de trigo. Além disso, existia um limite para o aumento do rendimento por meio do incremento do índice de colheita. Melhoristas têm tentado desenvolver trigos altos com genes de nanismo, que combinem a capacidade de alto rendimento com a grande biomassa dos derivados de Norim 10. Apesar da natureza empírica de muitos desses trabalhos, no leste e no oeste da Europa, os rendimentos continuam aumentando. Parte desse aumento se deve ao melhor controle de moléstias e à redução nas perdas causadas por falha no aproveitamento do

nitrogênio aplicado. Isso tem sido alcançado pelo melhoramento necessariamente combinado com o uso de agroquímicos (FELDMAN et al., 1995).

Na América do Sul, o melhoramento genético de trigo começou em 1912, quando o governo uruguaio contratou os pesquisadores alemães Alberto Boerger e Enrique Klein para darem início às atividades do primeiro Instituto de Pesquisa Agrícola do continente, La Estanzuela (ARIAS, 1999). Em 1924, o geneticista sueco Iwar Beckman veio para o Brasil e iniciou seus trabalhos na antiga Estação de Seleção de Sementes de Alfredo Chaves, no Município de Veranópolis, RS. No ano seguinte, realizou a primeira hibridação de trigo no Brasil (linhagem Alfredo Chaves x Polysu). Os genótipos oriundos desse cruzamento, entre os quais se destacou a cultivar Frontana, formaram a base para quase todas as atuais cultivares brasileiras. A Frontana, que reunia os caracteres de boa adaptação local, precocidade, porte intermediário e resistência à ferrugem-do-colmo, foi muito utilizada em programas de melhoramento no Brasil e no mundo. O enfoque dado por Beckman foi, para a época, totalmente revolucionário. O melhoramento de trigo era feito somente com genótipos de ciclo longo, e Beckman foi o precursor das cultivares precoces que se adaptavam à semeadura tardia. Mas sua preocupação não se restringiu ao ciclo das cultivares. Beckman conduziu seus trabalhos na busca de resistência a moléstias (como ferrugem-da-folha e ferrugem-do-colmo), tolerância ao crestamento (efeito da acidez do solo provocada por altos teores de alumínio e manganês) e qualidade nutricional do trigo (DEL DUCA, 1999).

Por ser originário de uma região muito distinta, o trigo tem exigido um esforço muito maior da pesquisa agrônômica dos países do Hemisfério Sul, com exceção da Argentina, cujas condições de clima e solo são muito semelhantes às dos centros de origem. Nos agroecossistemas do Sul do Brasil, por exemplo, o trigo teve dificuldades especiais de adaptação. Os solos ácidos e as inúmeras moléstias fúngicas e pragas, além dos problemas climáticos na época de floração, limitaram a estabilidade e

a confiabilidade dos rendimentos. Mas essas limitações, que se tornaram ainda mais graves com a monocultura, foram gradualmente superadas pela pesquisa, e hoje os trigos brasileiros são conhecidos por apresentarem os melhores genes, em patamar mundial, para tolerância à acidez de solo e resistência de planta adulta à ferrugem-da-folha e a outras doenças fúngicas (BAGGIO, 1999).

Outros caracteres que, nas últimas décadas, têm recebido maior atenção dos melhoristas de trigo são aqueles relacionados à qualidade do grão. Segundo Feldman et al. (1995), o aumento no rendimento de grãos está inevitavelmente associado ao menor conteúdo de proteína do grão e à baixa qualidade de panificação da farinha, apesar de procedimentos de fabricação terem sido desenvolvidos para produzir pães de forma satisfatória a partir de trigos com conteúdo de proteína relativamente baixo. Ainda assim, melhoristas estão convictos de que devem produzir cultivares com elevada qualidade de proteína de grão. Para isso, eles têm desenvolvido técnicas de eletroforese que possibilitam o acesso a pequenas amostras do grão – sem a destruição da semente – em estágios iniciais de um programa de melhoramento. Outras técnicas têm sido desenvolvidas para melhorar a eficiência de moagem do grão, que é a facilidade com que o pericarpo e a casca da semente podem ser separados do endosperma. Essas, porém, dificilmente poderiam ser aplicadas em um estágio inicial do ciclo do melhoramento.

A demanda por qualidade no mercado de trigo vem aumentando de forma contínua e acelerada nas últimas décadas, o que tem exigido de produtores, de agentes armazenadores e de indústrias de primeiro processamento não apenas a avaliação precisa da qualidade do trigo, mas também cuidados no pós-colheita e no armazenamento. A observância de atributos de segurança alimentar, como, por exemplo, a ausência de resíduos de pesticidas e de micotoxinas, tem sido uma medida indispensável para garantir um produto final de qualidade (MIRANDA et al., 2004).

Perspectivas

O melhoramento genético do trigo baseava-se, até recentemente, apenas na avaliação da planta inteira, que envolve: a escolha de cultivares com caracteres genéticos desejáveis, para combiná-los por meio de cruzamentos artificiais; o cultivo de cinco a sete gerações descendentes, para seleção e purificação de plantas que apresentem as combinações procuradas; a avaliação da uniformidade genética (homozigose) das novas linhagens, para garantir a manutenção do perfil genético; e a organização de ensaios estatisticamente planejados, em vários agroecossistemas, para a seleção de linhagens superiores às cultivares em uso (BAGGIO, 1999).

Hoje, entretanto, como resultado dos investimentos públicos e privados feitos na pesquisa científica das últimas décadas os genomas de plantas já podem ser manipulados de formas antes inacessíveis ao homem. A disponibilidade de novas técnicas de manipulações celulares e moleculares tem melhorado muito a precisão que os melhoristas de plantas podem obter em seus trabalhos.

Técnicas como a cultura de anteras (estruturas que contêm os grãos de pólen) e os cruzamentos interespecíficos, empregadas para a obtenção de embriões haplóides, surgiram com a perspectiva de superar uma das grandes limitações do melhoramento de plantas autógamas: o longo tempo necessário para que as linhagens selecionadas atinjam a homozigose. A haploidia permite acelerar o processo de melhoramento varietal pela eliminação das gerações segregantes heterozigotas. Por meio da técnica de cultura de anteras, é possível desenvolver um embrião haplóide a partir do grão de pólen apenas (androgênese), sem que haja fertilização e formação de semente. Uma planta geneticamente homozigota pode ser gerada após a duplicação química do genoma com o alcalóide colchicina, dispensando a seleção e as inúmeras gerações necessárias no melhoramento convencional (BAGGIO, 1999). Atualmente, os cruzamentos interespecíficos, que logram a

haploidia pela eliminação do genoma paterno, têm substituído a técnica de cultura de anteras por apresentarem resultados muito superiores (MORAES-FERNANDES et al., 2002). Em cruzamentos entre trigo e milho, o embrião híbrido perde rapidamente os cromossomos do milho (genitor paterno), mas permanece com os do trigo (genitor materno). Após o resgate e o cultivo do embrião haplóide imaturo, obtém-se uma planta com apenas o genoma do genitor materno; por isso esse processo é conhecido como ginogênese. Essas técnicas têm permitido economia de tempo, de espaço e de mão-de-obra de seleção, tornando a avaliação do melhorista mais fácil e eficiente (BAGGIO, 1999).

Outra técnica que já trouxe resultados importantes para o melhoramento do trigo é a manipulação do sistema que controla o pareamento meiótico. Estudos já mostraram que esse sistema é complexo, havendo genes supressores e promotores da associação pré-meiótica. O conhecimento e a manipulação desse mecanismo permitem o controle da formação de quiasmas (pontos de contato entre cromátides não-irmãs) em células de híbridos de espécies distantes, facilitando a translocação de segmentos cromossômicos portadores de caracteres desejáveis (MORAES-FERNANDES, 1985). Na Tabela 2 são apresentados alguns exemplos de caracteres introduzidos no trigo comum por meio dessa técnica.

O rápido desenvolvimento tecnológico na área de marcadores moleculares abriu caminho para uma mudança no paradigma genético básico: inferência sobre o genótipo a

Tabela 2. Caracteres introduzidos no trigo comum (*T. aestivum*) pela técnica de manipulação do sistema de controle do pareamento meiótico e espécies doadoras desses caracteres.

Caráter introduzido	Espécie doadora
Resistência à ferrugem-do-colmo (<i>Puccinia graminis tritici</i>)	<i>Agropyron elongatum</i>
Resistência à ferrugem-amarela (<i>Puccinia glumarum</i>)	<i>Aegilops comosa</i>
Resistência à ferrugem-da-folha (<i>Puccinia recondita tritici</i>)	<i>Ae. speltoides</i>
Precocidade	<i>Ae. bicornis</i>
Adaptação e resistência ao pulgão e à ferrugem	<i>Secale cereale</i>

Fonte: Moraes-Fernandes (1985).

partir do fenótipo (marcadores morfológicos). Essa mudança de enfoque foi denominada transição da genética mendeliana para a genética genômica (BECKMANN, 1988). Marcadores moleculares como os Restriction Fragment Length Polymorphisms (RFLPs) e Random Amplified Polymorphic DNA (RAPDs) têm aumentado muito a velocidade e a precisão com que os melhoristas localizam a posição de genes individuais nos cromossomos. Os genes são caracterizados por marcadores moleculares que podem ser usados em programas de melhoramento para identificar plantas que carregam genes desejáveis. O procedimento é particularmente útil na manipulação de genes de caracteres como resistência a moléstias, suscetibilidade do grão à germinação prematura ou qualidade do grão, os quais não podem ser manipulados convenientemente com base em uma única planta. Eles também podem ser usados para combinar o número de genes de resistência a uma moléstia para uma planta única, sem necessidade de uma complexa análise genética subsequente. Além disso, a técnica de RFLP pode ser usada na manipulação de caracteres fisiológicos quantitativos, como aqueles que determinam tamanho de espiga, rendimento ou até taxa de fotossíntese.

Por fim, o procedimento de transferência de DNA, também conhecido como transgenia, surge como uma nova etapa no processo de obtenção de variabilidade, uma vez que permite inserir, no genoma de um organismo receptor, por meio de técnicas de Engenharia Genética, um ou mais genes obtidos de indivíduos diferentes, que podem ser da mesma espécie do receptor ou de espécie não relacionada. Essas técnicas modernas de manipulação genética vêm sendo empregadas com relativo sucesso no melhoramento de plantas, principalmente sobre caracteres qualitativos. Entretanto, hoje as descobertas científicas não estão mais disponíveis gratuitamente. Diversas etapas do processo de transgenia estão patenteadas por empresas diferentes, o que torna burocrático e demorado o acesso à tecnologia completa por causa da necessidade de licenças (BAGGIO, 1999).

Contudo, as perspectivas de exploração de novos horizontes de conhecimento científico trazem, paralelamente, expectativas de maior retorno tecnológico à pesquisa para geração de novas cultivares. Essas técnicas, aliadas ao conhecimento da história evolutiva do trigo, permitem ampliar a manipulação da variabilidade disponível, o que possibilita aumento de produção e melhor adaptação às mais diversas condições ambientais, e traz contribuição significativa para a triticultura nacional e mundial.

Referências

- AGROPOLIS MUSEUM. **Nourritures & Agricultures du Monde**. Montpellier, 2006. Disponível em: <<http://museum.agropolis.fr/pages/expos/egypte/fr/cereales/carte>>. Acesso em: 12 jun. 2006.
- ARIAS, G. Trigo na América do Sul. In: CUNHA, G. R. (Org.). **Trigo: 500 anos no Brasil**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 1999. 110 p. (Embrapa Trigo. Documentos, 10).
- BAGGIO, M. I. Genética e novas biotecnologias no melhoramento de trigo. In: CUNHA, G. R. (Org.) **Trigo: 500 anos no Brasil**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 1999. 110 p. (Embrapa Trigo. Documentos, 10).
- BECKMANN, J. S. Genomics genetics: an essential between conventional and transgenic breeding. In: EXPERT CONSULTATION OF BIOTECHNOLOGY IN LIVESTOCK PRODUCTION AND HEALTH IN DEVELOPING COUNTRIES, 1988, Havana, Cuba. **Proceedings...** Rome: FAO – Animal Production and Health Division, 1990. p. 45-57.
- BRAMMER, S. P. **A citogenética na caracterização genômica do trigo**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2003. 6 p. (Embrapa Trigo. Documentos Online, 31). Disponível em: <http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/do/p_do31.htm>. Acesso em: 20 jun. 2005.
- DEL DUCA, L. de J. A.; BECKMAN, I. In: CUNHA, G. R. (Org.) **Trigo: 500 anos no Brasil**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 1999. 110 p. (Embrapa Trigo. Documentos, 10).
- FELDMAN, M.; LUPTON, F. G. H.; MILLER, T. E. Wheats. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. **Evolution of crop plants**. 2. ed. Harlow: Longman, 1995. p. 184-192.
- HARLAN, J. R. **Crops & Man**. 2. ed. Madison: American Society of Agronomy, 1992. 248 p.
- HARLAN, J. R.; DE WET, J. M. J. On *Ö* Winge and a player: the origins of polyploidy. **The Botanical Review**, New York, v. 41, n. 4, p. 311-390, 1975.
- HEISER, C. B. **Sementes para a civilização: a história da alimentação humana**. São Paulo: Ed. Nacional: Ed. Universidade de São Paulo, 1977. 253 p.
- HUANG, S.; SIRIKHACHORNKIT, A.; SU, X.; FARIS, J. D., GILL, B. S.; HASELKORN, R. Genes encoding plastid acetyl-CoA carboxylase and 3-phosphoglycerate kinase of the *Triticum/Aegilops* complex and the evolutionary history of polyploid wheat. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 99, n. 12, p. 8.133-8.138, 2002.
- KIHARA, H. Considerations on the evolution and distribution of *Aegilops* species based on the analyser method. **Cytologia**, Tokyo, v. 19, p. 336-357, 1954.

- KISLEV, M. Epi-palaeolithic (19.000 BP) cereal and fruit diet at Ohalo II. Sea of Galilee, Israel. **Review of Palaeobotany and Palynology**, Amsterdam, v. 3, p. 161-166, 1992.
- McFADDEN, E. S.; SEARS, E. R. The origin of *Triticum spelta* and its free-threshing hexaploid relatives. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 37, p. 81-107, 1946.
- MILLER, T. E. Systematics and evolution. In: LUPTON, F.G.H. (Ed.). **Wheat breeding: it scientific basis**. London: Chapman and Hall, 1987. p. 1-30.
- MIRANDA, M. Z. de; DE MORI, C.; LORINI, I. **Qualidade do trigo brasileiro: safra 2003**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2004. 106 p. (Embrapa Trigo. Documentos, 45).
- MORAES-FERNANDES, M. I. B. de. Domesticar o grão. **Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 3, n. 17, p. 36-45, 1985.
- MORAES-FERNANDES, M. I. B. de. SCHEEREN, P. L.; IORCZESKI, E. J.; PANDOLFI, V. Haplodiploidização via gimnogênese no melhoramento de trigo na Embrapa Trigo. In: BRAMMER, S. P.; IORCZESKI, E. J. (Org.). **Atualização em técnicas celulares e moleculares aplicadas ao melhoramento genético vegetal**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2002. v. 1. p. 109-118.
- RILEY, R.; CHAPMAN, V. Genetic control of the cytologically diploid behaviour of hexaplóide wheat. **Nature**, London, v. 182, p. 713-715, 1958.
- SCHIFINO-WITTMANN, M. T. Poliploidia e seu impacto na origem e evolução das plantas silvestres e cultivadas. **Revista Brasileira de Agrociência**, Santa Maria, v. 10, n. 2, p. 151-157, 2004.
- SILVA, J. A. da; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C.; SILVA, S. A.; SANCHES-CHACÓN, C. D.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; BENIN, G.; SIMIONE, D.; FINATTO, T. Populações e fontes de pólen como fatores potenciais na formação de embriões haplóides em cruzamento intergenérico. **Revista Brasileira de Agrociência**, Santa Maria, v. 10, n. 1, p. 31-36, 2004.
- SOUSA, C. N. A. de; ROSA, O. de S. Multiplicar o grão. **Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 3, n. 17, p. 46-52, 1985.
- STEBBINS, G. L. **Chromosomal evolution in higher plants**. London: Addison-Wisley, 1971. 216 p.
- TRIGO alimenta evolução da humanidade. Brasília: Ministério da Ciência e Tecnologia: Agência CT, 2006. Trad. R. Bánvölgyi. Disponível em: <http://agenciact.mct.gov.br/index.php?action=/content/view&cod_objeto=32678>. Acesso em: 10 abr. 2006.
- ZOHARY, D.; FELDMAN, M. Hybridization between amphidiploids and evolution of polyploids in the wheat (*Aegilops-Triticum*) group. **Evolution**, Lancaster, v. 16, p. 44-46, 1962.
- ZOHARY, D.; HOPF, M. **Domestication of plants in the Old World**. New York: Oxford University Press, 1988. 6 p.



riticale

Um híbrido intergenérico para uma agricultura moderna

Foto: Rosa Lía Barbieri





riticale

Fernando Irajá Félix de Carvalho
Alfredo do Nascimento Junior
Clause Fátima de Brum Piana

O triticale é um híbrido entre espécies de dois gêneros distintos e com expressiva barreira de incompatibilidade: trigo (*Triticum* spp.), como genitor materno; e centeio (*Secale* spp.), como genitor paterno. Apesar de já ter ocorrido espontaneamente na natureza, o triticale é um cereal sintético fabricado pelo homem com a intenção de reunir em uma única espécie as características favoráveis de seus antecessores. A primeira ocorrência deste híbrido intergenérico, resultante de cruzamento artificial, foi observada por Alexander Stephen Wilson em Edimburgo, na Escócia, no ano de 1875. O sucesso da fertilização artificial de trigo com pólen de centeio, que resultou em duas plantas híbridas com pilosidade próxima à espiga (pedúnculo piloso), foi então relatado para a Sociedade de Botânica de Edimburgo. Entretanto, apesar de ter despertado interesse como curiosidade botânica o híbrido revelava pouca utilidade prática, pois as plantas eram totalmente estéreis. O melhorista americano Elbert Sillick Carman obteve uma planta híbrida somente a partir de 1883.

Esse fato foi levado a público por meio de uma publicação original na *Rural New Yorker* (1884), reeditada por Leighty (1916), que mostrava o branqueamento perto da espiga. As plantas eram parcialmente férteis e produziram, aproximadamente, 10 espigas, cada uma com 19 grãos em média.

A primeira referência sobre um triticales fértil data de 1891, e relata os trabalhos realizados por Wilhelm Rimpau na Alemanha, em 1888, bem como a primeira ocorrência de triticales primários verdadeiros, resultantes do cruzamento entre o trigo *Sächsischer Rother Landweizen* e o centeio *Schlanstedter Roggen*. As sementes dos híbridos de Rimpau, que ainda são mantidas em bancos de germoplasma, foram fornecidas a vários pesquisadores. Esses híbridos continham 56 cromossomos, os quais foram confirmados por exames citológicos cerca de 45 anos mais tarde (OETTLER, 2005).

Foi durante a estação de cultivo em 1918, na Estação Experimental de Saratov (sudeste da Rússia), que o pesquisador Meister observou milhares de híbridos num campo experimental onde plantas de trigo com polinização parcialmente aberta, em ano anterior, haviam sido isoladas umas das outras por linhas de centeio (MEISTER, 1921). O híbrido entre trigo e centeio tinha pedúnculo piloso, caráter determinado por um gene dominante localizado no cromossomo 5R do centeio. A maioria desses híbridos era macho-estéril; entretanto, híbridos férteis também foram observados. Durante 16 anos, Meister e seus colegas exploraram as sementes desses híbridos e enfatizaram o valor prático desses cruzamentos intergenéricos. A caracterização citológica dos híbridos obtidos em 1929, por Levitzky e Benetzkaja (1930), confirmou a sua natureza anfidiplóide. As sementes obtidas por Meister são mantidas em bancos de germoplasma até hoje.

Uma considerável confusão tem sido feita com relação à nomenclatura científica e popular do novo anfidiplóide. Diversos nomes já foram propostos por pesquisadores.

O primeiro nome, *Tritico-secale rimpau*, foi sugerido em 1899 por L. Wittmack e era composto pelos dois gêneros em homenagem ao primeiro híbrido melhorado entre *Triticum aestivum* e *Secale cereale* (OETTLER, 2005). Cerca de 70 anos mais tarde, B. R. Baum, com o aval do Código Internacional de Botânica, sugeriu um nome científico mais apropriado para o híbrido intergenérico: \times *Triticosecale* Wittmack (BAUM, 1971). Para nome comum, M. Lindschau e E. Oehler recomendaram “triticale”, designação que tem sido aceita pela comunidade científica e é amplamente utilizada para a nova espécie (OETTLER, 2005). Algumas vezes, esses anfiplóides são também chamados de “Secalotricum” quando a espécie do gênero *Secale* é usada como genitor materno (GUPTA; PRIYADARSHAN, 1982).

Produção e desenvolvimento do triticale

O que esperar para o triticale? Essa questão tem sido repetida inúmeras vezes, refletindo um dilema para esse cereal. Seria isso um sonho? O triticale passou de simples curiosidade científica a um novo cereal de cultivo viável no curso de apenas poucas décadas.

Durante os primeiros trabalhos de cruzamentos entre trigo e centeio, pesquisadores e melhoristas de plantas dispunham de reduzida viabilidade natural do embrião híbrido e de baixa frequência de duplicação espontânea de cromossomos ou não redução de gametas de origem materna e paterna. Entretanto, com a descoberta da técnica de cultura *in vitro* para evitar o abortamento do embrião (LAIBACH, 1925, citado por OETTLER, 2005) e da técnica da utilização da colchicina como agente da duplicação cromossômica de híbridos de espécies estéreis (BLAKESLEE; AVERY, 1937), uma nova era teve início. Num ilimitado número de pesquisas, conduzidas em larga escala, essas novas ferramentas possibilitaram a produção de novos anfiplóides férteis.

Com a síntese de triticales octoplóides envolvendo trigo e centeio, a cruzabilidade entre esses dois genitores tornou-se relevante. Taylor e Quisenberry (1935) testaram a capacidade de cruzamento de trigo com centeio e avaliaram a herdabilidade desse caráter. Por meio de uma análise detalhada do caráter, Lein (1943), citado por Oettler (2005), concluiu que a presença de um gene denominado Kr1 resultava numa marcante redução da capacidade de cruzamento em relação à presença do gene Kr2. Pelo uso das linhas de substituição intervarietais – o que envolve a substituição de pares de cromossomos do trigo hexaplóide Chinese Spring por pares de cromossomos da variedade Hope –, Riley e Chapman (1967) localizaram os genes Kr1 e Kr2 nos cromossomos 5B e 5A do trigo, respectivamente. Ambos os genes expressavam ação gênica de aditividade, mas o Kr2 tinha um efeito menor do que o Kr1 sobre o caráter testado. Na condição de heterozigose, esses genes retardavam ou inibiam a penetração do tubo polínico do centeio nas paredes do ovário do trigo, determinando modificações na fertilização e na formação de sementes (LANGE; WOJCIECHOWSKA, 1976). A grande maioria dos trigos hexaplóides da Europa tinha pequena capacidade de cruzamento com o centeio, apesar de haver grande quantidade desse cereal naquela região. Na região central da China, entretanto, a capacidade de hibridação era comum. A cultivar de trigo Chinese Spring é homocigota recessiva para esses dois genes e pode ser cruzada facilmente com centeio diplóide.

O possível efeito paterno do centeio na capacidade de cruzamento tem sido questionado. Pelo fato de muitos autores usarem cultivares de polinização aberta como genitores paternos, os resultados não têm sido conclusivos. No estudo com trigo tetraplóide de primavera – *T. durum* – e linhas endogâmicas de centeio como polinizadoras, Taira et al. (1978) mostraram efeitos materno e paterno significativos na capacidade de cruzamento. Esses resultados foram confirmados por Oettler (1982) por meio de

cruzamentos entre trigos de inverno, hexaplóides e tetraplóides, e linhas homozigotas de centeio.

A incapacidade de cruzamento tem sido mais uma barreira para os cruzamentos intergenéricos, em que todas as etapas da síntese de híbridos férteis entre trigo e centeio estão envolvidas. Segundo Oettler (2005), em cruzamentos com o hexaplóide *T. spelta* tem sido relatada grande probabilidade de morte prematura do embrião do híbrido. Esse autor reporta também que grupos de sementes eram maiores em cruzamentos de centeio com trigo tetraplóide do que com trigo hexaplóide; contudo, muitas das sementes formadas não tinham endosperma e não continham embrião viável.

Apesar do grande número de anfiplóides desenvolvidos durante as últimas décadas, o triticales é, por muitas vezes, considerado o único exemplo de sucesso de cereal sintético desenvolvido por essa técnica.

Triticales primários e secundários

De acordo com sua origem, o triticales pode ser classificado como primário ou secundário. Os triticales primários são aqueles provenientes de cruzamentos entre trigo (tetraplóide ou hexaplóide) e centeio, ou seja, são os anfidiplóides; já os triticales secundários são aqueles que resultam do cruzamento destes anfidiplóides (triticales primários) com um dos seus genitores, ou com outro triticales primário, ou ainda com outro triticales secundário, conforme ilustrado na Fig. 1.

Botânicos, geneticistas e citologistas tiveram grande interesse por híbridos intergenéricos primários em questões relacionadas com a morfologia, a evolução e a citogenética (LINDSCHAU; OEHLER, 1935, citados por OETTLER, 2005). Os melhoristas de plantas, contudo, estavam muito mais interessados na criação de uma nova espécie ou gênero que

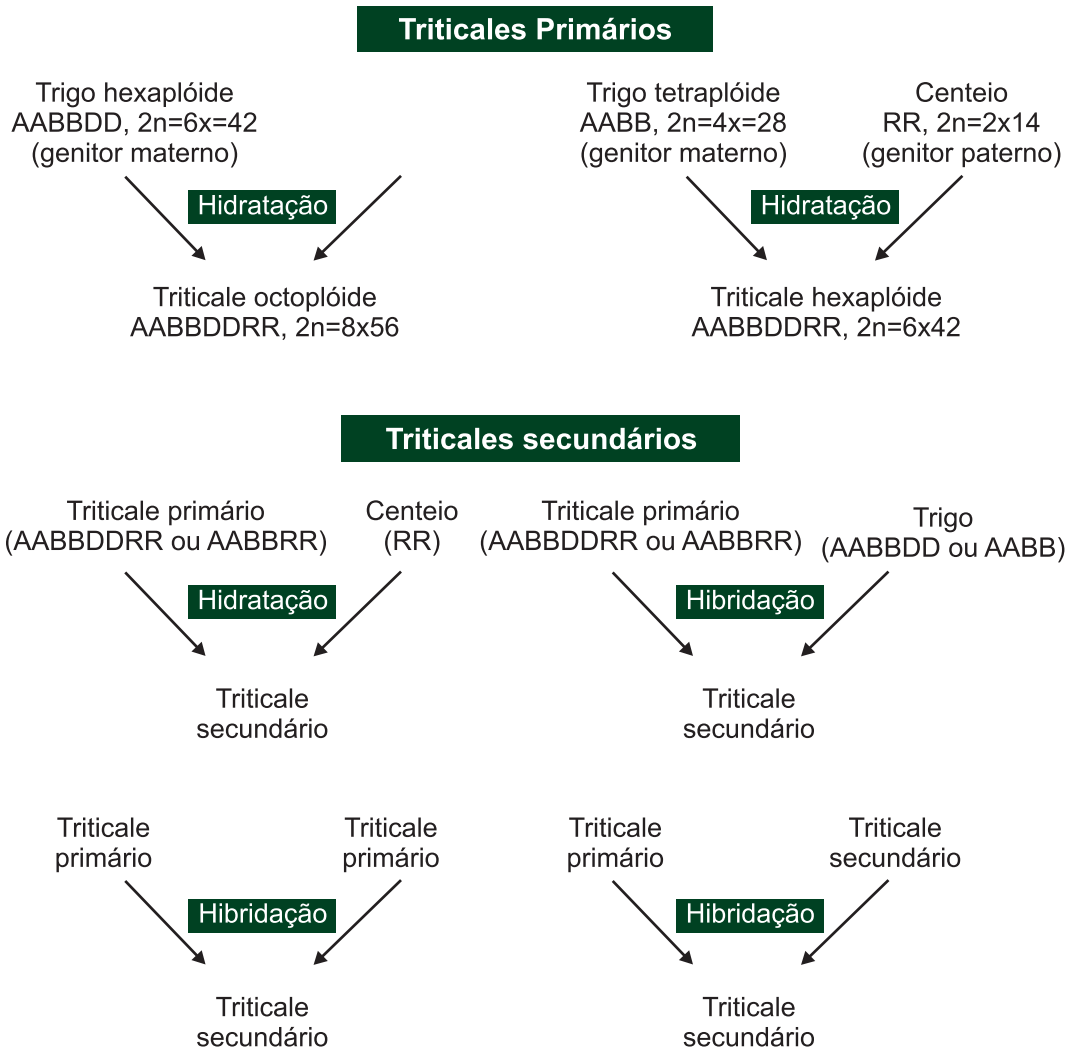


Fig. 1. Representação do processo de formação dos triticales primários e secundários.

reunisse os caracteres mais favoráveis de cada genitor, como alto rendimento de grãos, estatura de planta baixa e qualidade de panificação do trigo e rusticidade e resistência a frio e a moléstias do centeio (SÁNCHEZ-MONGE, 1974). Até recentemente, poucos pesquisadores haviam relatado a esperada superioridade da combinação de trigo com centeio, que deveria ser totalmente concretizada num anfidiplóide. Uma das estratégias sugeridas para o desenvolvimento do triticale tem sido o uso de trigos elites e linhas endogâmicas de centeio, em vez de trigos com boa capacidade de cruzamento, mas sem valor agrônômico,

e populações de centeio sensíveis a moléstias (LEIN, 1943, citado por OETTLER, 2005). A utilização de linhas puras de centeio foi recomendada também por Larter e Gustafson (1980).

Trabalhos sistemáticos de desempenho agrônomico de triticales primários hexaplóides e octoplóides mostraram que a pré-seleção de caracteres superiores – realizada em linhas puras de trigo e centeio – não era garantia de que tais caracteres seriam expressos em nível desejado nos anfidiplóides (OETTLER, 1998). Maiores investigações revelaram claramente que os efeitos dos genomas do trigo e do centeio, e de suas interações, influenciavam a expressão de caracteres existentes em triticales primários (OETTLER, 1986). O desempenho dos genitores tinha um valor de predição limitado para estimar o novo anfidiplóide sintetizado. A predição do desempenho do triticale baseado em linhas puras de centeio tem suporte somente em caracteres de alta herdabilidade, como dias para o florescimento e estatura de planta (GEIGER et al., 1993).

Em razão do fracasso das pesquisas experimentais com triticales primários, a síntese desses híbridos declinou. Atualmente, eles têm importância secundária em programas de melhoramento como fonte de variabilidade genética com a incorporação de genes de alto valor adaptativo – das espécies paternas – na geração de novos triticales secundários e da seleção nas populações híbridas (segregantes) de plantas superiores, que agreguem o máximo de caracteres favoráveis. Entretanto, a grande maioria dos triticales atuais é descendente de primários, obtidos a partir de trigos hexaplóides (*T. aestivum*, $2n=42$, AABBDD) ou tetraplóides (*T. durum*, $2n=28$, AABB) cruzados com centeio cultivado (*S. cereale*, $2n=14$, RR).

Novas técnicas para produzir anfidiplóides foram criadas e aplicadas, pois, em geral, os triticales primários – particularmente os tipos octoplóides – não alcançaram as expectativas de superação de dificuldades como a instabilidade citológica, a baixa fertilidade e o pobre desempenho agrônomico. O primeiro triticale secundário

foi produzido por meio de cruzamentos de linhas de triticales octoplóides primários (MÜNTZING, 1939; KATTERMAN, 1936, citado por OETTLER, 2005). Como os triticales octoplóides tendiam a reverter-se em hexaplóides, a barreira para a utilização comercial de triticales foi quebrada com o tipo hexaplóide. Portanto, somente esse tipo tem sido cultivado no mundo, com exceção de na China, onde são cultivados alguns triticales secundários octoplóides por causa de sua melhor qualidade para a produção de determinado tipo de pão regional (cozido no vapor), e de sua utilização forrageira (BAO; YAN, 1993).

O termo secundário foi utilizado primeiramente por A. Kiss para descrever hexaplóides estáveis obtidos de cruzamentos entre triticales octoplóides e hexaplóides (OETTLER, 2005). Os triticales secundários hexaplóides podem ser criados por diferentes formas: a) cruzamento artificial entre triticales primários do mesmo nível ou de diferentes níveis de ploidia; b) cruzamento artificial simples ou triplo de triticales primário com secundário; c) cruzamento artificial de triticales secundário com trigo ou centeio; d) retrocruzamento para triticales (VARUGHESE et al., 1996).

A hibridação entre trigo hexaplóide e trigo tetraplóide produz híbridos parcialmente estéreis, que, quando cruzados com centeio, podem formar indivíduos completamente estéreis que, por sua vez, quando cruzados com triticales formam híbridos com diferentes níveis de ploidia, conforme mostra a Fig. 2 (CARVALHO et al., 1977).

Os trabalhos de melhoramento com os triticales tetraplóides foram iniciados na Polônia, em 1976, com a incorporação de cromossomos de centeio e de trigo na mesma proporção. Dessa forma, era esperada uma melhor expressão dos caracteres do centeio, como tolerância a frio e a solos ácidos (LAPINSKI; APOLINARSKA, 1985). Por mais de 30 anos, esforços foram mobilizados para a criação de uma cultivar de triticales tetraplóide comercial, mas até os dias de hoje

esse propósito não foi alcançado. Contudo, tal assunto ainda permanece como objetivo científico, principalmente para a manipulação de cromossomos e de genomas.

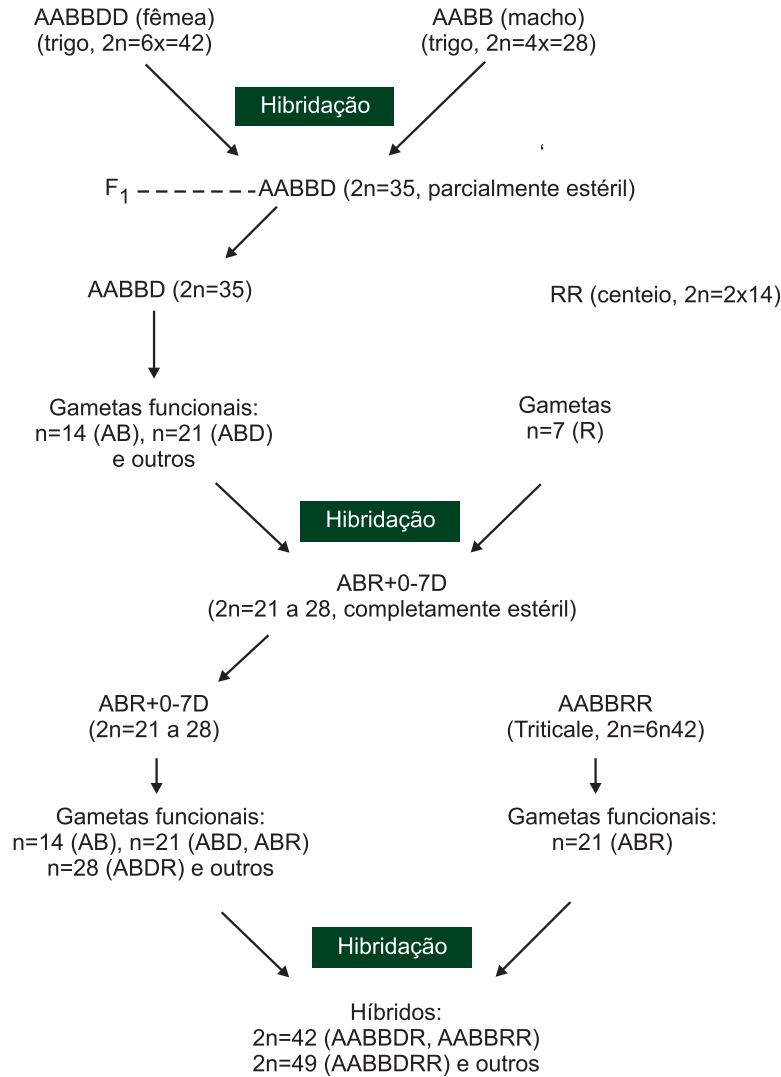


Fig. 2. Representação de uma das formas de criação do triticale secundário.
Fonte: Carvalho et al. (1977).

Citologia e citogenética

Os primeiros híbridos de trigo e centeio eram caracterizados por uma grande desordem reprodutiva: instabilidade meiótica extrema, freqüência de aneuploidias

alta, fertilidade reduzida e grãos chochos, sendo todos eles inter-relacionados. Entretanto, os triticales hexaplóides expressam essas desordens em menor grau que os triticales octoplóides (MÜNTZING, 1939). Por mais de quatro décadas, as pesquisas em citogenética e citologia dominaram os trabalhos com triticales. Várias revisões foram realizadas sobre o assunto (LUKASZEWSKI; GUSTAFSON, 1987), pois havia a necessidade de descobrir as causas da desordem reprodutiva e possíveis relações entre elas, o que tem sido considerado um pré-requisito importante para o progresso no melhoramento genético do triticales. Conseqüentemente, pesquisas em citologia e citogenética foram intensa e extensivamente desenvolvidas. A crescente utilização de técnicas do melhoramento e a intensificação de pressão de seleção resultaram no aumento do número de cultivares lançadas em escala comercial em muitas partes do mundo (BANASZAK; MARCINIAK, 2002). O interesse pela citogenética do triticales reduziu-se no fim dos anos 1980; contudo, muitas questões permanecem sem resposta.

Caracterização meiótica

As primeiras investigações citológicas de um híbrido de trigo e centeio foram de Nakao (1911). Vinte anos mais tarde, Levitzky e Benetzkaja (1930) fizeram a caracterização citológica dos híbridos de Meister. A primeira análise detalhada de vários triticales octoplóides disponíveis na época, incluídos os híbridos de Rimpau, foi conduzida por K. H. von Berg e E. Oehler, em 1938 (OETTLER, 2005).

A duração do ciclo meiótico dos triticales primários e de seus genitores, trigo e centeio, foi considerada uma das causas da instabilidade meiótica (SCOLES; KALTSIKES, 1974). Para os triticales octoplóides a duração da meiose foi menor que a de seus genitores; contudo, para os triticales hexaplóides, a duração da meiose foi intermediária em comparação à dos genitores. A duração da meiose entre e dentro de vários níveis

de ploidia foi atribuída a genes presentes nos genomas D e R (ROUPAKIAS; KALTSIKES, 1977).

Os distúrbios meióticos observados no triticales foram atribuídos ao surgimento de univalentes (cromossomos não-pareados) na metáfase I. Esses univalentes foram citados por Levitzky e Benetzkaja (1930), nos triticales octoplóides de Meister, e por Müntzing (1939), que encontrou diferentes freqüências de univalentes em vários triticales. Até a metade da década de 1970, vários trabalhos reportaram o número de univalentes formados em triticales octoplóides e hexaplóides (GUPTA; PRIYADARSHAN, 1982).

Sempre houve interesse dos pesquisadores de triticales em saber se os univalentes pertenciam ao genoma do trigo ou ao do centeio, e quais cromossomos estavam envolvidos. Em triticales octoplóides, a conclusão foi de que os univalentes se originavam, predominantemente, dos cromossomos de trigo (MÜNTZING, 1939). Os cromossomos do trigo e do centeio poderiam ser perdidos, mas em diferentes freqüências (PIERITZ, 1971, citado por OETTLER, 2005). Além das perdas cromossômicas, Merker (1973) demonstrou que qualquer cromossomo de trigo ou de centeio poderia aparecer como univalente.

As causas da formação de univalentes foram examinadas por um grande número de pesquisadores. A assinapse, ou dessinapse (ausência de formação de quiasmas), e a prematuridade da disjunção de bivalentes (par de cromossomos homólogos pareados durante a meiose) foram propostas por Gupta e Priyadarshan (1982).

O principal fator de distúrbio na meiose tem sido atribuído aos resultados de sinapse pela insuficiência de tempo na duração da formação de quiasmas nos cromossomos do centeio (OETTLER, 2005). Lelley (1974) sugeriu que a ausência de *crossing-over* era causada por dessinapses ou por disjunção prematura dos bivalentes.

Fatores genéticos também assumem um papel importante nas irregularidades meióticas. Em triticales octoplóides, os

genes dos cromossomos do genoma D poderiam reduzir a frequência de quiasmas no genoma do centeio. Pieritz (1971, citado por OETTLER, 2005) sugeriu que genes dos cromossomos do centeio poderiam ser afetados pela frequência de quiasmas nos outros cromossomos. O cromossomo 5B do trigo afeta o pareamento dos cromossomos de centeio tanto em triticales octoplóides quanto em hexaplóides (THOMAS; KALTSIKES, 1971). Existe a hipótese de que a formação de univalentes poderia ser afetada pela interação citoplasmática e/ou núcleo-citoplasmática (SISODIA; MCGINNIS, 1970). Contudo, trabalhos de Merker (1973) não demonstraram efeito significativo em citoplasma de híbridos, quando comparados com os cruzamentos recíprocos.

Constituição cromossômica

Cruzamentos entre triticales de diferentes níveis de ploidia, entre triticales e trigo ou entre triticales e centeio têm conseqüências na estrutura genômica das progênes resultantes. A constituição cromossômica dos triticales secundários foi interesse de melhoristas e de citogeneticistas até 1968, quando a descoberta do triticales de primavera, o Armadillo, pelo Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (Cimmyt) no México, determinou um novo enfoque na produção de triticales comerciais. O Armadillo resultou de um cruzamento espontâneo entre um triticales hexaplóide com um desconhecido trigo panificável semi-anão mexicano. Ele continha os genomas A e B completos, e tinha na sua constituição o cromossomo 2R, proveniente do centeio, substituído pelo cromossomo 2D do trigo (GUSTAFSON; ZILLINSKY, 1973). O triticales Armadillo, proveniente de uma planta homozigota, possuía genes de nanismo e, o mais importante, excelente nível de fertilidade e elevado peso do hectolitro (VARUGHESE et al., 1996).

Durante muitos anos, houve uma inversão de esforços tendendo para o desenvolvimento de triticales substituídos.

Para tanto, eram utilizados cruzamentos artificiais entre triticales hexaplóides e trigos hexaplóides. Dada a homologia dos genomas, esse procedimento permitiu a substituição de um ou mais cromossomos ou de segmentos de cromossomos do genoma R por aqueles de outros genomas, especialmente pelo respectivo homólogo D, introduzindo nos triticales hexaplóides – anteriormente completos – genes de elevado valor adaptativo, os quais foram caracterizados, dessa forma, como 2D(2R) em substituição cromossômica, ou AABB[DR], ou [RD]. Assim como o Armadillo, diversas cultivares e genótipos foram desenvolvidos. Essa promessa, apesar de prematura, auxiliou o processo de adoção da cultura por produtores e cientistas. Entretanto, o milagre não foi efetivado, pois, sob condições marginais de cultivo, os triticales hexaplóides completos (AABBRR) são agronomicamente superiores; esse fato conduziu a uma nova busca por triticales completos.

Biologia da reprodução

Por resultar do cruzamento entre plantas de trigo – que são autógamas –, e plantas de centeio – que são preferencialmente alógamas – o triticales tem uma tendência à alogamia, embora seja considerada uma espécie autógama no melhoramento aplicado e na legislação e normas para a produção de sementes. Na prática, essa consideração levou a muitos problemas na produção e na certificação de sementes, assim como na manutenção de programas de melhoramento. Nos anos 1970, Yeung e Larter (1972) relataram que o comprimento e a exposição das anteras, o número de grãos de pólen por antera, e o período de antese (liberação do pólen), eram maiores no triticales do que no trigo, porém mais similares ao trigo do que ao centeio. Sagra e Hughes (1975) confirmaram esses resultados em diferentes triticales.

A polinização cruzada em triticales é de responsabilidade de fatores genéticos e de ambiente. Diferentes delineamentos

experimentais e distintos caracteres morfológicos têm sido usados para medir a intensidade da polinização cruzada; entretanto, os resultados obtidos nesses estudos não são muito comparáveis. O uso de aurículas coloridas como marcadores permitiu detectar uma frequência de 0,21 de polinização cruzada sob condições de ambiente de clima continental na Europa. Por outro lado, Gregory (1976), usando genes marcadores de ausência de serosidade, verificou uma frequência de fecundação cruzada entre 0,15 e 0,47.

Avaliando a tendência para a alogamia em triticales de hábito invernal, facultativo e primaveril, Romano e Sequeira-Antunes (2002) verificaram que a taxa de alogamia variou de 0,03 a 0,31, e foi superior nos genótipos de hábito primaveril e reduzida nos genótipos de hábito invernal.

Utilizando a estatura de planta como marcador em 22 genótipos, Singh, citado por Oettler (2005), detectou uma frequência de polinização cruzada entre 0,00 e 0,12. O emprego do marcador de pilosidade no pedúnculo possibilitou que Herrmann (2002) detectasse uma taxa de fecundação cruzada em torno de 0,11. Portanto, a frequência de cruzamento natural de 0,10 em triticales parece ser bastante realista.

Avanços na construção de um novo anfidiplóide com estabilidade na fertilidade

A alopoliploidia é um dos mais importantes métodos de síntese artificial de um novo genoma introgressivo em plantas superiores. Entre os alopoliplóides sintéticos, os anfidiplóides de triticales, obtidos de trigo e centeio, são de significativa importância comercial e acadêmica, e de interesse agrícola e industrial. Contudo, a base citoplasmática e a predominância do genoma do trigo no núcleo podem inibir a expressão dos genes do centeio no triticales,

impedindo, assim, a manifestação das potencialidades do centeio para adaptação, resistência a moléstias e completa homeostasia.

A coexistência harmônica entre o núcleo e o citoplasma é um fator importante a ser considerado na produção de novas formas de triticales. Na atualidade, a utilização do centeio (*S. cereale*) como genitor materno em cruzamentos para obtenção de triticales primários é uma nova técnica que tem sido recomendada para solucionar os problemas agrônômicos e citogenéticos que sempre estiveram relacionados com o híbrido trigo-centeio. Os genitores paternos mais freqüentemente adotados nesse tipo de cruzamento são o trigo hexaplóide (*T. aestivum*) e o trigo tetraplóide (*T. durum*). O novo anfidiplóide centeio-trigo (*S. triticum*, RRAABB, $2n=6x=42$), possuindo o citoplasma do centeio, favoreceria a expressão de genes do genoma RR do centeio. Estudos básicos das propriedades do centeio e do trigo e da compatibilidade entre eles têm sido propostos como método para criar o híbrido centeio-trigo, cujo nome comum é secalotriticum. Como os cruzamentos diretos entre centeio e trigo revelaram uma reação de incompatibilidade não-direcional, está sendo proposto que o triticales hexaplóide (AABBRR, $2n=42$) seja um intermediário genético para a introgressão do genoma de trigo após a construção do secalotriticum. Formas de centeio tetraplóide (RRRR, $2n=28$) também têm sido escolhidas como componente materno em razão da alta capacidade de cruzamento e da compatibilidade pós-gamética (LYUSIKOV et al., 2005).

O sucesso na solução de problemas de hibridações distantes – ou seja, entre espécies que apresentam genomas incompatíveis – depende de fatores específicos da meiose nos híbridos F_1 . Durante a meiose, esses híbridos manifestam tendência à recombinação, ao rearranjo de cromossomos ou de genomas, e à regeneração de gametas funcionais de várias composições cromossômicas, determinando, assim, a diversidade genética e a estabilidade citogenética de anfiplóides em gerações posteriores.

Melhoramento genético

Os métodos de melhoramento para triticales têm por base os sistemas clássicos para as espécies autopolinizadas, apesar de se saber que a polinização cruzada natural pode ocorrer. Linhas puras são desenvolvidas tanto em triticales de primavera como de inverno, através do sistema genealógico de condução de populações segregantes (VARUGHESE et al., 1996; BANASZAK; MARCINIAK, 2002). Todas as cultivares lançadas em escala comercial estão próximas da homozigose e apresentam alta homogeneidade. Com a existência de fecundação cruzada entre plantas de triticales, a homozigose só é alcançada em alta frequência, em gerações mais avançadas, no processo de melhoramento. Além disso, a seleção visual de plantas com alto desempenho, principalmente dos tipos heterozigotos, contribui para retardar a obtenção de homozigose no processo (BECKER et al., 1996, citados por OETTLER, 2005).

Os primeiros programas de triticales, voltados principalmente para a síntese e a evolução de novos híbridos de trigo-centeio octoplóides e hexaplóides (triticales primários), foram conduzidos, nas décadas de 1940 e de 1950, por V. E. Pissarev na antiga URSS, por A. Kiss na Hungria, por A. Müntzing na Suécia, e por M. Ingold na Suíça (OETTLER, 2005). Como esse tipo de triticales não era usado comercialmente, os melhoristas intensificaram esforços no desenvolvimento de tipos mais promissores, como triticales hexaplóides secundários, por meio de cruzamentos entre tipos primários, seguidos de alta pressão de seleção. Esses triticales hexaplóides constituem agora o germoplasma básico no melhoramento aplicado.

Os programas de melhoramento comercial com triticales hexaplóides foram iniciados, na década de 1950, por Sánchez-Monge, na Espanha (OETTLER, 2005); por Shebeski e Jenkins, no Canadá (JENKINS, 1969; SHEBESKI, 1974); e por A. Kiss, na Hungria (OETTLER, 2005). Programas com

triticais de primavera e de inverno tiveram início em 1970. Forte iniciativa foi realizada com triticale de inverno na Suíça (FOSSATI et al., 1996) e na França (CAUDERON; BERNARD, 1980).

Segundo Oettler (2005), esses programas de melhoramento proporcionaram a liberação das primeiras cultivares de triticale de inverno e de primavera a partir de 1968 (Tabela 1).

Tabela 1. Ano de liberação, país de origem e hábito de cultivo das primeiras cultivares de triticale.

Cultivar	Ano de liberação	País de origem	Hábito de cultivo
Nº 57, nº 64	1968	Hungria	Inverno
Armadillo	1968	México	Primavera
Cachirulo	1969	Espanha	Primavera
Rosner	1969	Canadá	Primavera
Coorong	1979	Austrália	Primavera
Clercal	1980	França	Inverno
Mizar	1980	Itália	Primavera
Lasko	1982	Polônia	Inverno

Fonte: Oettler (2005).

Após 40 anos de melhoramento de triticale, a área cultivada no mundo atingiu cerca de 3,5 milhões de hectares em 25 países (Tabela 2). A maioria desses países tem um ativo programa de melhoramento genético de triticale. Até o presente momento, a França, a Alemanha e a Polônia possuem eficientes programas, tanto de melhoristas como de produtores.

No Brasil, o triticale foi introduzido em 1961, e o primeiro cultivo comercial ocorreu em 1982. A partir de então, a área aumentou gradativamente, ultrapassando os 130 mil hectares em 2004 (NASCIMENTO JUNIOR et al., 2005). O incremento e a manutenção da área de triticale no Brasil são devidos ao seu baixo custo de produção quando comparado ao do trigo, à sua utilização como componente de rações para animais e, mais recentemente, à sua utilização para consumo humano em mistura com farinha de trigo para diversos usos.

Tabela 2. Área cultivada e uso dado ao triticale em países produtores, no ano de 2005.

País	Área (ha)	Uso
Área da antiga Tchecoslováquia	81.973	Grão
Área da antiga URSS	369.100	Grão e pastagem
Área da antiga Iugoslávia	2.060	Grão
Austrália	345.000	Grão e pastagem
Áustria	39.452	Grão e pastagem
Bélgica	7.389	Grão
Brasil	132.000	Grão
Bulgária	11.000	Grão
Canadá	25.000	Grão e pastagem
China	330.000	Grão
Dinamarca	42.000	Grão e pastagem
França	329.000	Grão e pastagem
Alemanha	482.100	Grão e pastagem
Hungria	156.000	Grão e pastagem
Luxemburgo	3.368	Grão
México	539	Grão
Holanda	4.300	Grão
Noruega	200	Grão
Polônia	1.157.684	Grão e pastagem
Portugal	17.000	Grão e pastagem
Espanha	40.200	Grão e pastagem
Suécia	50.450	Grão
Suíça	11.200	Grão
Tunísia	1.000	Grão
Reino Unido	13.000	Grão
Total	3.651.015	—

Fonte: FAO (2005) e IBGE (2006).

Existem cinco instituições que trabalham com melhoramento ou introdução sistemática de triticale para avaliação no Brasil: Embrapa Trigo (Embrapa), Instituto Agrônomo do Paraná (Iapar), Fundação Centro de Experimentação e Pesquisa (Fundacep Fecotrigo), Cooperativa Central Agropecuária de Desenvolvimento Tecnológico e Econômico Ltda. (Coodetec) e Instituto Agrônomo de São Paulo (IAC). Essas instituições têm seus programas de melhoramento de triticale baseados em uma principal fonte de germoplasma: Cimmyt, por meio de coleções internacionais que são disponibilizadas mundialmente, International Triticale Yield Nursery (Ityn), International Triticale Screening Nursery (ITSN) e Facultative Winter Triticale (FWTCL). A Embrapa, por meio da Embrapa Trigo, localizada em Passo Fundo, RS, é a única a manter genótipos em bancos de germoplasma de triticale e de

centeio, caracterizá-los e realizar cruzamentos para a criação de triticales primários e secundários, octoplóides e hexaplóides, buscando, dessa forma, a ampliação da base genética de triticales e a exploração de genótipos mais bem adaptados às condições de cultivo do Sul do Brasil (NASCIMENTO JUNIOR et al., 2004).

O mais alto impacto comercial, medido pelo número de cultivares lançadas dentro dos triticales de inverno, envolveu cruzamento simples, duplo ou triplo entre os tipos secundários. Também entre os triticales de primavera, Varughese et al. (1996) atribuíram esse sucesso ao alto valor de tais cruzamentos, medido pelo número de linhas que alcançaram estágios avançados. Em ambos os programas, cruzamentos com triticales primários para rendimentos de grãos tiveram reduzido êxito. No momento atual, tanto os triticales como os germoplasmas elite de trigo e de centeio têm sido pouco utilizados nos programas de melhoramento como genitores. Contudo, eles têm sido empregados para incremento da variabilidade genética via cruzamentos com triticales secundários (SOWA et al., 1985; VARUGHESE et al., 1996; BOUGUENNEC; JESTIN, 2002).

De modo geral, a base genética de triticales disponível no mundo deve ser ampliada (DARVEY, 1986). O mesmo pode ser aplicado para o Brasil (NASCIMENTO JUNIOR et al., 2004).

O Cimmyt mantém dois bancos genéticos distintos de triticales de primavera. Cariótipos completos de triticales (AABBRR) e tipos substituídos (genoma AABB completo e RR substituído com 2D(2R)) são separados em dois grupos que revelam adaptações distintas (FOX et al., 1990; VARUGHESE et al., 1996). Avaliando 12 coleções distintas, compostas por mais de 3 mil acessos, Qualset et al. (1996) evidenciaram elevada similaridade entre algumas coleções e grande diversidade entre dois grupos distintos oriundos do Canadá e do México. Entretanto, os autores obtiveram – por meio de análise de agrupamentos – dois distintos grupos formados pelos hexaplóides completos e substituídos.

Para áreas marginais e de baixas condições de ambiente, os cariótipos de triticales completos são considerados possuidores de vantagens adaptativas sobre os tipos modificados. Sob altas condições para produção (ambiente favorável), as diferenças entre essas constituições genéticas são pequenas. Por outro lado, os triticales de inverno cultivados na Europa são geralmente completos AABBRR (OETTLER, 2005).

No Brasil, todos os triticales indicados para cultivo são hexaplóides – na sua maioria, completos e de primavera, com pequena exigência de frio. Até 2005, todas as cultivares eram oriundas de introduções do Cimmyt (NASCIMENTO JUNIOR et al., 2004). Em 2005 foi registrado o primeiro triticale desenvolvido no Brasil, o BRS Minotauro, fruto de cruzamento de trigo e de centeio brasileiros com triticale hexaplóide introduzido.

O melhoramento de híbridos tem recebido atenção de pesquisadores devido à ótima expressão e exploração da heterose. A macho-esterilidade genético-citoplasmática, o melhoramento e a heterose de híbridos de triticales receberam forte atenção nos anos de 1970 (GILL et al., 1979). Foi demonstrado que o citoplasma do trigo tetraplóide *T. timopheevi*, que induz a macho-esterilidade no trigo hexaplóide, também determina a macho-esterilidade no triticale.

Caracteres agronômicos

As primeiras cultivares de triticales de primavera e inverno lançadas em escala comercial eram caracterizadas com bom índice de resistência a moléstias, mas com baixa frequência na fertilidade, reduzido rendimento de grãos e pequeno peso do hectolitro, grãos chochos, alto teor de proteína contido nos grãos, elevada estatura de planta, alta frequência de acamamento e germinação dos grãos na espiga. O grão chocho foi considerado um dos mais sérios defeitos

das primeiras cultivares liberadas em escala comercial. Para contornar esse problema, pesquisas foram realizadas por mais de duas décadas. Foram sugeridas como possíveis causas a heterocromatina, a prematura atividade da alfa-amilase e a anormalidade do desenvolvimento do endosperma (THOMAS et al., 1980). Os melhoristas iniciaram a aplicação de pressão de seleção para grão cheio usando o teste de peso do hectolitro (kg.hL^{-1}) para quantificar o grão chocho, reduzindo, desse modo, o defeito de forma gradual, mas constante. No momento atual, o peso do hectolitro dos triticales já alcançou um valor médio de 73 kg.hL^{-1} , quando era de apenas 58 kg.hL^{-1} nos anos de 1970 (ZILLINSKY, 1974a). A alta proteína no grão do triticales era devida ao reduzido enchimento do grão e à desproporcional relação entre endosperma e embrião. Com o incremento no enchimento do grão de triticales, a proteína decresceu; fato também observado em áreas com elevados rendimento de grãos (Fig. 3). Nas constituições genéticas dos atuais triticales que evidenciaram alta variabilidade genética, os teores de proteína são comparáveis aos do trigo e do centeio.

Os primeiros cultivares de triticales possuíam elevada estatura e eram suscetíveis ao acamamento. Os tipos inverniais, nº 57 e nº 64 da Hungria, revelavam estatura entre 140 cm e 160 cm, e muita suscetibilidade ao acamamento. Por introdução do gene de nanismo com dominância parcial da cultivar de trigo Tom Pouce, a cultivar semi-anão Bókoló foi desenvolvida na Hungria, mas também exibia todos os caracteres negativos encontrados nos genótipos anões (OETTLER, 2005). Forte pressão de seleção no caráter de alta herdabilidade proporcionou uma efetiva redução na estatura, permitindo também o crescimento da estabilidade. Nos anos de 1980 a 1990, o Cimmyt reduziu a estatura da planta de triticales de primavera de 140 cm para 125 cm (VARUGHESE et al., 1996). Os triticales de inverno também expressam estatura de planta e acamamento comparáveis ao trigo e ao centeio.

Os caracteres como baixa fertilidade das espigas e reduzido rendimento de grãos poderiam ser significativamente incrementados pelo processo de melhoramento. As principais cultivares de triticale de inverno aumentaram a produção, em área experimental, de cerca de 1.500 kg.ha⁻¹, em 1968, na Hungria, para 9.700 kg.ha⁻¹, em 1991, no México (VARUGHESE et al., 1996). O aumento no rendimento de grãos de triticale no mundo cresceu em mais de 163 % em menos de 25 anos, conforme dados incluídos na Tabela 3.

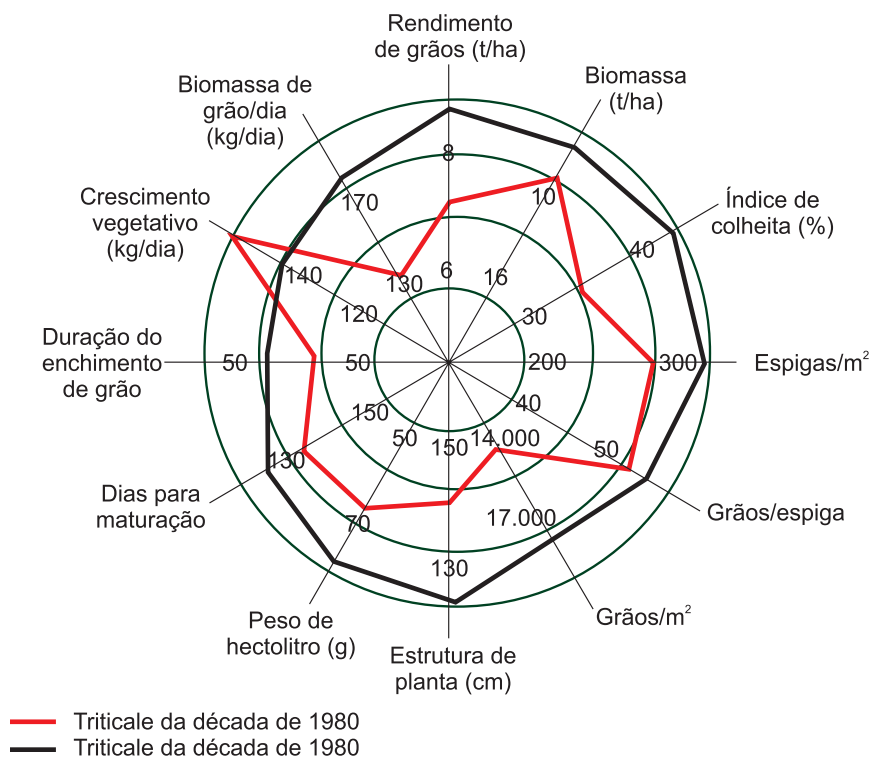


Fig. 3. Comparação de componentes agrônômicos de três triticales de alto rendimento, de 1991 a 1993, Cimmyt, cidade de Obregon, México.
 Fonte: Varughese et al. (1996).

Os triticales modernos têm potencial competitivo em termos de rendimento de grãos com trigos sob distintas condições de cultivo. O mais importante na produção comercial é o cultivo sob baixa tecnologia ou em condições de estresse, em que os triticales geralmente são superiores aos trigos e centeios.

Tabela 3. Número de países que cultivam triticales hexaplóide, área cultivada e rendimentos médios nos anos de 1977, 1984, 1994 e 2004.

Ano	Nº de países	Área (ha)	Rendimento de grãos (t.ha ⁻¹)
1977	1	2.983	1,71
1984	6	185.497	2,02
1994	24	1.452.560	3,28
2004	28	3.045.730	4,51

Fonte: FAO (2005).

Com a expansão da área cultivada de triticales, a resistência favorável dos primeiros triticales foi desaparecendo. Schinkel (2002) avaliou a presença de moléstias de 1988 a 2001, e verificou que a resistência expressa pelos triticales era comparável à do trigo e à do centeio. Também verificou que a ferrugem-da-folha (*Puccinia recondita*) e a ferrugem-linear (*P. striiformis*) ocorriam em alta intensidade e estavam aumentando de importância no triticales. *Stagonospora nodorum* (*Septoria tritici*) era a principal moléstia e produzia reduções no peso do grão por espiga de até 11,5 %, quando comparadas com plantas não-inoculadas (OETTLER; SCHMID, 2000). Também o *Fusarium* vinha crescendo em frequência e severidade; o *Fusarium culmorum* podia reduzir o peso médio de grãos por espiga em 48 % (OETTLER; WAHLE, 2001). O míldio (*Erysiphe graminis*) está sendo observado em maior frequência no oeste da Europa (informação verbal)¹.

Na Embrapa Trigo, o rendimento de grãos é o principal objetivo do melhoramento. Forte pressão de seleção é realizada em gerações segregantes para tolerância a solos ácidos e a moléstias, e melhor qualidade de grãos. Além disso, os genótipos são avaliados em elevada diversidade de ambientes em todas as regiões de cultivo do Sul do Brasil (NASCIMENTO JUNIOR et al., 2004), para seleção daqueles de melhor adaptação.

Apesar do esforço realizado pela pesquisa no Brasil, é observado aumento na ocorrência de moléstias, principal-

¹ Entrevista concedida pelo pesquisador Dario Fossati – da Station Fédérale de Recherches Agronomiques de Changins (RAC), Rte de Duillier, case postale 254, CH-1260 Nyon, Switzerland – ao pesquisador Alfredo do Nascimento Junior, em 2005, durante a 7th International Wheat Conference.

mente de manchas foliares, como mancha-bronzeada (*Drechslera tritici-repentis*), mancha-marrom (*Bipolaris sorokiniana*), e fusariose ou giberela (*Gibberella zeae*) nas regiões produtoras tradicionais. Forte pressão de inóculo e condições climáticas favoráveis ao desenvolvimento das moléstias têm sido fatores limitantes à produtividade da cultura. Em decorrência dessas moléstias e da utilização do grão para o consumo humano, a cultura tem migrado para regiões não tradicionais no cultivo, como o norte do Paraná e o sul de São Paulo, com expressivo incremento de área e produção e de qualidade de grão, nos últimos cinco anos (NASCIMENTO JUNIOR et al., 2004; IBGE, 2006).

A pré-germinação na espiga ou germinação em pré-colheita ainda permanece como um sério problema em triticales. A despeito de mais de duas décadas de pesquisa e melhoramento, não há progressos acentuados no surgimento desse caráter indesejável (OETTLER, 2002). Apesar das evidências de que esse caráter é controlado por fatores genéticos e de ambiente, outros componentes – como atividade das enzimas α -amilase e protease, regulação hormonal e dormência – também são responsáveis pela expressão desse caráter.

Uso do produto final

Consumo humano

Nas fases iniciais dos trabalhos com híbridos de trigo e centeio, cientistas e melhoristas consideravam o triticales como um novo cereal para consumo humano, altamente relacionado com vários aspectos de qualidade na alimentação. Em 1928, Meister publicou resultados sobre a proporção de grãos vítreos e a capacidade de dois tipos de octoplóides para a produção de farinha (OETTLER, 2005). Müntzing (1939) mencionou a elevada percentagem de proteína bruta e de

glúten numa linhagem octoplóide testada. Mais tarde, quando a produção de tritcale tornou-se viável, os tipos hexaplóides também foram estudados para a qualidade de farinha (BUSHUK, 1980).

Reconhecendo o contínuo crescimento da população humana no mundo, o programa de tritcale no Cimmyt tinha como principal objetivo o incremento na produção de alimentos e na nutrição das populações dos países em desenvolvimento (ZILLINSKY, 1974b). Subseqüentemente, investigações mais intensas sobre a qualidade de panificação do tritcale foram conduzidas por alguns pesquisadores (WEIPERT, 1986; TOHVER et al., 2005). Foi reportada uma grande variação na qualidade de panificação do tritcale. Comparada à do trigo, a quantidade de proteína do tritcale era, em geral, maior, mas a qualidade de farinha era inferior (fraca e menos elástica), e a quantidade de glúten menor. Além disso, apesar de a atividade da α -amilase ser alta no tritcale, a propriedade de moagem e o rendimento de farinha eram menores em razão da textura desfavorável do grão.

Predominantemente, os tritcales hexaplóides são cariótipos completos parcial ou totalmente desprovidos de cromossomos do genoma D do trigo, que são responsáveis principalmente pela qualidade de farinha. A mais recente estratégia para aumentar a qualidade de panificação do tritcale é a inclusão do cromossomo 1D e a captação das subunidades gluteninas de alto peso molecular, particularmente as variantes nos locos GLU-A1, GLU-B1 e GLU-D1 (PEÑA et al., 1998). As gluteninas, as gliadinas e as secalinas de baixo peso molecular têm sido sugeridas para melhorar a qualidade da farinha (VARUGHESE et al., 1996). Embora o tritcale tenha sido considerado, por várias décadas, tanto no melhoramento quanto na pesquisa, como um grão de uso alimentar, até agora essa nova espécie não obteve sucesso como lavoura e como produto alimentar em países desenvolvidos e em países em desenvolvimento (OETTLER, 2005).

Nascimento Junior et al. (2004) evidenciaram a utilização de farinha de tritcale em mistura com farinha de trigo como estratégia para reduzir, no Brasil, tanto as perdas em divisas como a dependência em relação ao trigo importado.

Nas áreas em que o triticale está em amplo crescimento, a opção por essa cultura deve-se ao menor custo de produção, à menor ocorrência de moléstias, à melhor adaptação ao déficit hídrico e aos melhores preços obtidos com a venda do produto. Os melhores preços decorrem da qualidade superior do triticale e também de sua utilização para a alimentação humana em mistura com farinha de trigo, para a produção de biscoitos, pães, bolos e massas alimentícias, e na formulação de produtos dietéticos.

Alimentação animal

Grão para ração

Uma das primeiras publicações sobre o uso do triticale como ração alimentar de animais foi de Sell et al. (1962). Desde então, numerosas investigações têm comparado triticale hexaplóide com outros cereais na alimentação experimental, para diferentes animais domésticos, como bovinos, aves, ovinos, suínos, perus e animais de pequeno porte, como ratos, hamsters, codornas e preás, tanto na parte nutricional como na econômica (GATEL et al., 1985; BATTERHAM, 1986; HILL, 1991; MCDONOUGH; COOPER, 1998; BARNEVELD; COOPER, 2002). A influência de fatores como diferenças genéticas, efeito de ambiente e de cultivo no valor nutricional, espécie de animal ou raça, tipos de formulações da ração e diferenças entre metodologias experimentais não permitem resumir o potencial do triticale como alimento para animais. Contudo, todos os autores concordam que o triticale tem um elevado valor como grão para alimento animal. A pesquisa sugere uma superioridade do grão de triticale em relação aos grãos de trigo, de cevada e de aveia, quando utilizado como alimento para ruminantes, em virtude da digestibilidade do amido (BIRD et al., 1999).

Em geral, o grão do triticale é utilizado como componente adicional das dietas, mas também pode ser usado como

componente cereal único para aves (BOROS, 2002). Além disso, existem diversos trabalhos no Brasil mostrando a vantagem econômica da substituição parcial de milho e de farelo de soja por triticales na formulação de rações para suínos e aves (BAIER et al., 1994).

Lima et al. (2001) indicaram o potencial do triticales para substituir o milho. De modo geral, a substituição de até 75 % do milho é possível sem perda do desempenho de frangos de corte e de suínos em crescimento-terminação. A substituição de 100 % do milho por triticales não seria viável por causa de sua menor disponibilidade energética, a não ser na falta do primeiro. Contudo, alguns autores consideram que o triticales apresenta de 95 % a 100 % do equivalente em energia do milho, podendo substituir, inclusive, até 5 % da proteína de soja adicionada à ração para crescimento e para engorda de suínos.

Em termos nutricionais, a composição química do grão de triticales é semelhante à dos outros cereais de estação fria (Tabela 4). Comparado com o milho, que é a tradicional fonte de energia nas dietas de aves e suínos, o triticales apresenta maior concentração de proteína bruta e menor conteúdo de energia (BAIER et al., 1994).

Diversos compostos antinutricionais, como taninos, fitatos, resorcinóis, pectinas e inibidores de tripsina já foram encontrados no triticales e, entre eles, as pentosanas hidrossolúveis têm recebido maior destaque, por sua capacidade de formar géis em contato com a água, e dar origem a soluções viscosas que retardam a absorção de nutrientes (LIMA et al., 2001). Contudo, esses efeitos

Tabela 4. Composição química média dos grãos de cereais, em base seca.

Componente	Quantidade (%)				
	Milho	Trigo	Triticales	Centeio	Aveia
Proteína bruta	10,4	14,3	14,8	13,4	17,0
Óleo	4,5	1,9	1,5	1,8	7,7
Fibra bruta	2,4	2,9	13,1	2,6	1,6
Cinza	1,5	2,0	2,0	2,1	2,0
Extrativo não nitrogenado	81,2	78,9	78,6	80,1	71,6

Fonte: Simmonds e Campbell (1976, citados por BAIER et al., 1994).

podem ser facilmente resolvidos com o uso de enzimas específicas adicionadas na formulação das rações.

Pastagem e duplo propósito

Há mais de trinta anos o triticales vem sendo usado como pastagem, forragem, duplo propósito (forragem/grão) e silagem. Lupton et al. (1975, citados por OETTLER, 2005), reportaram resultados de experimentos considerando o triticales como uma cultura ajustada para colheita de matéria verde para forragem. O hábito de crescimento e os caracteres agronômicos e nutricionais variavam de forma intensa e dependiam do ambiente de cultivo, do manejo e do uso da lavoura.

O uso de triticales para pastagem (CIMMYT, 2004) inclui a espécie isolada e seus consórcios, que consistem na mistura de tipos de inverno com os de primavera (BARON et al., 1992), ou na mistura com leguminosas forrageiras; como também para feno (CARNIDE et al., 1998) e duplo propósito – forragem/grão – (WRIGHT et al., 1991) e silagem (BAIER et al., 1994). Os consórcios ou misturas são empregados para aumentar o rendimento de forragem na alimentação de animais e/ou qualidade do produto final (BARON et al., 1992). O uso de triticales como forragem na alimentação de animais tem aumentado de forma crescente nos últimos anos. Na Europa, onde o cultivo intenso de milho como forragem apresenta várias dificuldades dada a interação com o ambiente, o triticales tem sido intensamente cultivado para silagem por permitir a rotação de culturas.

O triticales pode ser usado para duplo propósito, pois apresenta o potencial de produzir grande quantidade de forragem, assim como a capacidade de rebrotar e de produzir altos rendimentos de grãos, principalmente aquele de hábito invernal ou facultativo. Ele é especialmente utilizado na pequena propriedade para produção de forragem verde, silagem de plantas jovens, feno, silagem da planta adulta, silagem de grãos úmidos e de grãos secos.

Na Região Sul do Brasil, é possível a produção de duas culturas por ano na mesma área. Com isso, a produção de silagem da parte aérea da planta apresenta a vantagem de liberar mais cedo a área para a semeadura da cultura de estação quente, como milho, soja, etc. A qualidade nutricional da silagem é em razão da matéria-prima utilizada. A silagem da planta inteira, próxima da maturação, geralmente tem rendimento elevado de energia e de proteína bruta, porém com baixa digestibilidade; enquanto a silagem de planta jovem tem rendimento menor, alto teor de proteína bruta e boa digestibilidade de matéria seca. A silagem do grão apresenta boa digestibilidade e maior concentração de energia e de proteína bruta, podendo ser usada para alimentar suínos e bovinos, além de permitir a ensilagem com menor teor de umidade. A silagem é feita quando os grãos têm entre 65 % e 70 % de matéria seca, e são moídos antes de serem colocados no silo, o que facilita a compactação e a fermentação (LIMA et al., 2001).

Perspectivas tecnológicas

Técnicas de cultura de embriões têm sido empregadas rotineiramente para evitar o aborto de embriões híbridos de trigo-centeio. A partir da metade da década de 1970, sofisticadas técnicas de biotecnologia passaram a ser aplicadas *in vitro* para a regeneração de explantes de cultura de calos de embriões imaturos e de inflorescências (NAKAMURA; KELLER, 1982). Plantas haplóides produzidas por meio de cultura foram reportadas primeiramente por Wang et al. (1973) em triticales octoplóides. Outras investigações mostraram que muitos fatores influenciavam o desenvolvimento de micrósporos na fertilidade das plantas, tais como o genótipo da planta doadora, o pré-tratamento das anteras, o estágio de desenvolvimento do micrósporo e o meio de cultura (SOZINOV et al., 1981). Regeneração de plantas e métodos de multiplicação *in vitro* receberam grande atenção por parte dos pesquisadores, evidenciando, com isso, progresso no

período (STOLARZ; LÖRZ, 1986). Como em outros cereais, a variação somaclonal e a instabilidade de cariótipo na regeneração de plantas provenientes de cultura de tecidos foram reportados em triticales (JORDAN; LARTER, 1985). A regeneração de plantas provenientes de suspensão de células e cultura de protoplastos foi um dos pontos básicos de desenvolvimento em técnicas biotecnológicas para a seleção *in vitro*. Os primeiros estudos de transformação publicados sobre expressão de genes em protoplastos foram relacionados por Stolarz (1991). Zimny et al. (1995) foram os primeiros a ter êxito na obtenção de plantas transgênicas depois do bombardeamento de partículas em tecido esculento de triticales hexaplóide. Contudo, as expectativas quanto ao uso de técnicas *in vitro* na seleção para fatores de estresses bióticos ou abióticos não têm sido atendidas em programas de melhoramento. Apesar dos métodos de salvamento de embrião, a produção de duplo-haplóides tem recebido maior atenção e adquirido projeção como procedimento de rotina no melhoramento de plantas. As plantas duplo-haplóides, inicialmente obtidas por cultura de anteras e, mais recentemente, por cruzamento com milho, são usadas mais eficientemente em programas de melhoramento de triticales hexaplóides de inverno e primavera (BERNARD et al., 1996). Nos anos recentes, diferentes sistemas de marcadores moleculares têm sido desenvolvidos e aplicados em cereais, inclusive no triticales.

Para a caracterização cromossômica dos cereais hexaplóides, marcadores específicos de identificação dos cromossomos dos genomas do trigo e do centeio têm sido aplicados. O primeiro estudo com microssatélites de trigo – Simple Sequence Repeat (SSR) – mostrou que, em híbridos intergenéricos, eles eram efetivos na identificação de regiões genômicas de trigos aparentados (OETTLER et al., 1998). Subseqüentemente, o uso extensivo de microssatélites desenvolvidos do trigo e do centeio, e de Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP), tem provado que essas técnicas são adequadas para

análises do genoma de triticale (TAMS et al., 2005). As ferramentas moleculares reportadas para análise de genomas – tais como mapas de ligação e estudos comparativos de genomas ou estudo de genes-alvo em genomas completos –, embora sejam conhecidas ainda são escassas.

Os avanços biotecnológicos obtidos nos últimos anos evidenciam uma forte relação entre seqüências de DNA de cereais como trigo, cevada, centeio, arroz, sorgo, milho, aveia e outros. Esse fenômeno, conhecido como sintenia, possibilita a utilização de um mesmo marcador molecular SSR em diversas espécies de cereais. Essa técnica tem sido empregada com muitas finalidades: mapeamento genômico, impressão digital e melhoramento genético. Dessa forma, caracteres de importância de outros cereais podem ser explorados em estudos genéticos e no melhoramento do triticale (KULEUNG et al., 2004). É provável que essa técnica ainda venha a ter grande impacto sobre a evolução do triticale.

Referências

- BAIER, A. C.; NEDEL, J. L.; REIS, E. M.; WIETHÖLTER, S. **Triticale**: cultivo e aproveitamento. Passo Fundo: Embrapa-CNPT, 1994. 72 p. (Embrapa-CNPT. Documentos, 19).
- BANASZAK, Z.; MARCINIAK, K. Wide adaptation of DANKO triticale varieties. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 5., 2002, Radziców. **Proceedings...** Radziców: [S.n.], 2002. v. 1, p. 217-212.
- BAO, W. K.; YAN, Y. Octoploid triticale in China. **Advances in Science of China Biology**, Beijing, v. 3, p. 55-76, 1993.
- BARNEVELD, R. J. van; COOPER, K. V. Nutritional quality of triticale for pigs and poultry. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 5., 2002, Radziców. **Proceedings...** Radziców: [S.n.], 2002. v. 1, p. 277-282.
- BARON, V. S.; NAJDA, H. G.; SALMON, D. F.; DICK, A. C. Post-flowering forage potential of spring and winter cereal mixtures. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 72, p. 137-145, 1992.
- BATTERHAM, E. S. Nutritional value of triticale for the feeding of livestock. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 1986, Sidney. **Proceedings...** Sidney: AIAS, 1986. v. 24, p. 495-501.
- BAUM, B. R. The taxonomic and cytogenetics implication of the problem of naming amphiploids of *Triticum* and *Secale*. **Euphytica**, Dordrecht, v. 20, p. 302-306, 1971.
- BERNARD, M.; BERNARD, S.; BONHOMME, H.; FAURIE, C.; GAY, G.; JESTIN, L. Triticale research and breeding programmes in France: recent developments. In: GUEDES-PINTO, H.; DARVEY N.; CARNIDE, D. V. P. (Ed.). **Triticale**: today and tomorrow. Dordrecht: Kluwer, 1996. p. 643-647.

BIRD, S. H.; ROWE, J. B.; CHOCT, M.; STACIWI, S.; TYLER, P.; TOHOMPSON, R. D. *In vitro* fermentation of grain and enzymatic digestion of cereal starch. **Recent Advances in Animal Nutrition in Australia**, Armidale, v. 12, p. 53-61, 1999.

BLAKESLEE, A. F.; AVERY, A. G. Methods of inducing doubling of chromosomes in plants. **Journal of Heredity**, Washington, v. 28, p. 392-411, 1937.

BOROS, D. Phisio-chemical quality indicator suitable in selection of triticale for high nutritive value. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 5., 2002, Radziców. **Proceedings...** Radziców: [S.n.], 2002. v. 1, p. 239-244.

BOUGUENNEC, A.; JESTIN, L. Dynamic management of a population of octoploid x hexaploid triticale for pre-breeding purposes. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 5., 2002, Radziców. **Proceedings...** Radziców: [S.n.], 2002. v. 1, p. 319-323.

BUSHUK, W. Triticale: chemistry and technology. **Hodowla Roslin Aklimatyzacja i Nasiennictwo**, Poznan, v. 24, p. 603-613, 1980.

CARNIDE, V.; GUEDES-PINTO, H.; MIGUEL-RODRIGUES, M.; SIQUEIRA, C.; MASCARENHAS-FERREIRA, A. Forage yield and quality of triticale-vetch mixtures. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 4., 1998, Red Deer. **Proceedings...** Red Deer: [S.n.], 1998. v. 2, p. 252-255.

CARVALHO, F. I. F. de; MAIRESSE, L. A. S.; SILVA, A. C. F. da; SANTOS, F. G. dos. Triticale – an intergeneric hybridization made by man. **Ciência e Cultura**, Campinas, v. 29, n. 3, p. 294-300, 1977.

CAUDERON, Y.; BERNARD, M. Yield improvement from (8x X 6x) crosses and genetic and cytoplasmic diversification in triticale. **Hodowla Roslin Aklimatyzacja i Nasiennictwo**, Poznan, v. 24, p. 329-337, 1980.

CIMMYT. **Triticale helps farmers to diversify**. Mexico, 2004. Disponível em: <http://www.cimmyt.org/whatisimmyt/recent_ar/D_support/triticale.htm>. Acesso em: 14 mar. 2005.

DARVEY, N. L. Strategies for production and utilization of triticale germplasm. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 1986, Sidney. **Proceedings...** Sidney: AIAS, 1986. v. 24 p. 448-564.

FAO. FAOSTAT 2005. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 12 abr. 2005.

FOSSATI, A.; FOSSATI, D.; KLEIJER, G. Triticale breeding in Switzerland. In: BERNARD, M.; BERNARD, S. (Ed.). **Genetics and breeding of Triticale**. Paris: INRA, 1996. p. 649-643.

FOX, P. N.; SKOVMAND, B.; THOMPSON, B. K.; BRAUN, H. J.; CORMIER, R. Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. **Euphytica**, Wageningen, v. 47, p. 57-64, 1990.

GATEL, F.; LAVOREL, O.; FEKETE, J.; GROSJEAN, F.; CASTAING, J. Feeding value of triticale for monogastrics: weaned pigs, growing-finishing pigs and broilers. In: BERNARD, M.; BERNARD, S. (Ed.). **Genetics and Breeding of Triticale**. Paris: INRA, 1985. p. 659-670.

GEIGER, H. H.; OETTLER, G.; MARKER, R.; UTZ, H. F.; WEHMANN F. Evaluating rye inbred lines per se and in euplasmic and alloplasmic crosses for triticale suitability. **Crop Science**, Madison, v. 33, n. 4, p. 725-729, 1993.

GILL, K. S.; BHARDWAJ, H. L.; DHINDSA, G. S. Heterosis and combining ability in triticale. **Cereal Research Communications**, Szeged, v. 7, p. 303-309, 1979.

GREGORY, R. S. Hexaploid triticale: outcrossing studies. **Annual Report Plant Breeding Institute Cambridge**, Cambridge, p. 44, 1976.

GUPTA, P. K.; PRIYADARSHAN, P. M. Triticale: present status and future prospects. **Advances in Genetics**, New York, v. 21, p. 255-345, 1982.

- GUSTAFSON, J. P.; ZILLINSKY, F. J. Identification of D-genome chromosomes from hexaploid wheat in a 42-chromosome triticale. In: INTERNATIONAL WHEAT GENETICS SYMPOSIUM, 4., 1973, Columbia. **Proceedings...** Columbia: Missouri Agricultural Experiment Station, 1973. p. 225-232.
- HERRMANN, M. Close range outcrossing in triticale. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 5., 2002, Radziców. **Proceedings...** Radziców: [S.n.], 2002. v. 1, p. 351-355.
- HILL, G. M. Quality: triticale in animal nutrition. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 2., 1990, Passo Fundo. **Proceedings...** Passo Fundo: EMBRAPA-CNPT: CIMMYT: ITA, 1991. p. 422-427.
- IBGE. Disponível em: <<http://www.ibge.com.br/>>. Acesso em: 8 jun. 2006.
- JENKINS, B. C. History of the development of some presently promising hexaploid Triticales. **Wheat Information Service**, Kyoto, v. 28, p. 18-20, 1969.
- JORDAN, M. C.; LARTER, E. N. Somaclonal variation in triticale (*x Triticosecale* Wittmack) cv. Carman. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 27, p. 151-157, 1985.
- KULEUNG, C.; BAENZIGER, P. S.; DWEIKAT, I. Transferability of SSR markers among wheat, rye, and triticale. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 108, n. 6, p. 1.147-1.150, 2004.
- LANGE, W.; WOJCIECHOWSKA, B. The crossing of common wheat (*Triticum aestivum* L.) with cultivated rye (*Secale cereale* L.) I. Crossability, pollen grain germination and pollen tube growth. **Euphytica**, Wageningen, v. 25, p. 609-620, 1976.
- LAPINSKI, B.; APOLINARSKA, B. Polish work upon 4r triticale. In: BERNARD, M.; BERNARD, S. (Ed.). **Genetics and breeding of triticale**. Paris: INRA, 1985. p. 262-265.
- LARTER, E. N.; GUSTAFSON, J. P. The influence of the rye parent in triticale breeding program. **Hodowla Roslin Aklimatyzacja i Nasiennictwo**, Poznan, v. 24, p. 451-457, 1980.
- LEIGHTY, C. E. Carman's wheat-rye hybrids. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 7, p. 420-427, 1916.
- LELLEY, T. Desynapsis as a possible source of univalents in metaphase I of Triticale. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, Berlin, v. 73, p. 249-258, 1974.
- LEVITZKY, G. A.; BENETZKAJA, G. K. Cytological investigations of constant intermediate rye-wheat hybrids. In: ALLUNION CONGRESS OF GENETICS SELEK, 1929, Leningrad. **Proceedings...** Leningrad: [S.n.], 1930. p. 345-353.
- LIMA, G. J.; VIOLA, E. S.; KRATZ, L. R.; BERMUDES, V. L. **Triticale na alimentação animal**. Concórdia: Embrapa Suínos e Aves, 2001. v. 1. 16 p.
- LUKASZEWSKI, A. J.; GUSTAFSON, J. P. Cytogenetics of triticale. **Plant Breeding Reviews**, Connecticut, v. 5, p. 41-93, 1987.
- LYUSIKOV, O. M.; BEL'KO, N. B.; SHCHET'KO, I. S.; GORDEL, I. A. Construction of rye-wheat amphidiploids with the cytoplasm of rye – Secalotriticum (RRAABB, 2n = 42): meiosis characteristics in rye-triticale F₁ hybrids (RRABR, 5x = 35). **Russian Journal of Genetics**, Moscow, v. 4, n. 7, p. 735-741, 2005.
- MCDONOUGH, C.; COOPER, K. V. New marketing strategies for triticale southern Australia. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 4., 1998, Red Deer. **Proceedings...** Red Deer: [S.n.], 1998. v. 2, p. 284-289.
- MEISTER, G. K. Natural hybridization of wheat and rye in Russia. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 12, p. 467-470, 1921.
- MERKER, A. Cytoetics investigations in hexaploid triticale. I. Meiosis and fertility in F₁ e F₂. **Hereditas**, Lund, v. 73, p. 285-289, 1973.

MÜNTZING, A. Studies on the properties and the ways of production of rye-wheat amphidiploids. **Hereditas**, Lund, v. 25, p. 387-430, 1939.

NAKAMURA, C.; KELLER, W. A. Callus proliferation and plant regeneration from immature embryos of hexaploid triticale. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, Berlin, v. 88, p. 137-160, 1982.

NAKAO, M. Cytological studies on the nuclear division of pollen mother-cells of some cereals and their hybrids. **Journal of the College of Agriculture**, Sapporo, v. 4, p. 173-190, 1911.

NASCIMENTO JUNIOR, A. do; BAIER, A. C.; TEIXEIRA, M. C. C.; WIETHÖLTER, S. Triticale in Brazil. In: MERGOUM, M.; MACPHERSON, H. G. (Org.). **Triticale improvement and production**. Roma: FAO, 2004. v. 1. p. 93-98.

NASCIMENTO JUNIOR, A. do; WIETHÖLTER, S.; BAIER, A. C. Triticale production in Brazil. In: TRITICAL TOPICS. Armidale: International Triticale Association, 2005. p. 20-21. International edition, n. 20.

OETTLER, G. Effect of parental genotype on crossability and response to colchicine treatment in wheat-rye hybrids. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, Berlin, v. 88, p. 322-330, 1982.

OETTLER, G. The effect of wheat dwarfing genes on falling number in primary triticale. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM PRE-HARVEST SPROUTING IN CEREALES, 8., 1998, Detmold. **Proceedings...** Detmold: Association of Cereal Research, 1998. Parte 2, p. 125-130.

OETTLER, G. The fortune of a botanical curiosity. Triticale: past, present and future. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 143, p. 329-346, 2005.

OETTLER, G. Improving falling number by recurrent selection in winter triticale. In: INTERNATIONAL TRITICAL SYMPOSIUM, 5., 2002, Radziców. **Proceedings...** Radziców: [S.n.], 2002. v. 1, p. 253-259.

OETTLER, G.; KAISER, S.; SCHILLING, A. G. Application of wheat microsatellite markers in primary triticale. In: INTERNATIONAL TRITICAL SYMPOSIUM, 4., 1998, Red Deer. **Proceedings...** Red Deer: [S.n.], 1998. v. 2, p. 79-81.

OETTLER, G.; SCHMID, T. Genotypic variation for resistance to *Septoria nodorum* in triticale. **Plant Breeding**, Berlin, v. 119, p. 487-490, 2000.

OETTLER, G. Variation and covariation of agronomic characters in primary triticale and their wheat and rye parents. In: INTERNATIONAL TRITICAL SYMPOSIUM, 1986, Sidney. **Proceedings...** Sidney: AIAS, 1986. v. 24, p. 120-123.

OETTLER, G.; WAHLE, G. Genotypic and environmental variation of resistance to head blight in triticale inoculated with *Fusarium culmorum*. **Plant Breeding**, Berlin, v. 120, p. 297-300, 2001.

PEÑA, R. J.; MERGOUM, M.; PFEIFFER, W. H. Glutenin subunit composition and breadmaking quality characteristics of recently developed triticale germplasm of CIMMYT. In: INTERNATIONAL TRITICAL SYMPOSIUM, 4., 1998, Red Deer. **Proceedings...** Red Deer: [S.n.], 1998. v. 1, p. 117-123.

QUALSET, C. O.; FURMAN, B. J.; HEATON, J. H.; SKOVMAND, B.; WESENBERG, D. M. Assembly and Analysis of a North American Triticale Genetic Resource Collection. In: GUEDES-PINTO, H.; DARVEY N.; CARNIDE, D. V. P. (Ed.). **Triticale: today and tomorrow**. Dordrecht: Kluwer, 1996. p. 261-267.

RILEY, R.; CHAPMAN, V. The inheritance in wheat of crossability with rye. **Genetic Research**, Cambridge, v. 9, p. 259-267, 1967.

ROMANO, M. da C. S.; SEQUEIRA-ANTUNES, M. P. Pesquisa da tendência para a alogamia em triticale. **Melhoramento**, Elvas, Portugal, v. 38, p. 128-135, 2002. Disponível em: <http://www.iniap.min-agricultura.pt/ficheiros_public/conceição_romano_2.pdf>. Acesso em: 8 abr. 2005.

- ROUPAKIAS, D. G.; KALTSIKES, P. J. Genomic effects on the duration of meiosis in triticale and its parental species. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 19, p. 331-343, 1977.
- SÁNCHEZ-MONGE, E. Development of triticales in Western Europe. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 1973, El Batán. **Proceedings...** Ottawa: International Development Research Centre, 1974. p. 31-39.
- SAPRA, V. T.; HUGHES, J. L. Pollen production in hexaploid triticale, **Euphytica**, Wageningen, v. 24, p. 237-243, 1975.
- SCHINKEL, B. Triticale: still a healthy crop? In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 5., 2002, Radziców. **Proceedings...** Radziców: [S.n.], 2002. v. 1. p. 157-162.
- SCOLES, G. J.; KALTSIKES, P. J. The cytology na cytogenetics of Triticale. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, Berlin, v. 73, p. 13-43, 1974.
- SELL, J. L.; HODGSON, G. G.; SHEBESKI, L. H. Triticale as a potential component of chick rations. **Canadian Journal of Animal Science**, Champaign, v. 42, p. 158-166, 1962.
- SHEBESKI, L. H. Future role of triticales in agriculture. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 1973, El Batán. **Proceedings...** Ottawa: International Development Research Centre, 1974. p. 247-250.
- SISODIA, N. S.; MCGINNIS, R. C., Importance of hexaploid wheat germplasm in hexaploid triticale breeding. **Crop Science**, Madison, v. 10, p. 161-162, 1970.
- SOWA, W.; MACKOWIAK, W.; GOWORKO, W.; KRYSIAK, H., CLINCHY, H.; MALICH, W.; SZELAG, J.; GRZESIK, H. Breeding and testing rye-type triticale in Plant Breeding and Acclimatization Institute, IHAR. In: BERNARD, M.; BERNARD, S. (Ed.). **Genetics and Breeding of Triticale**. Paris: INRA, 1985, p. 593-596.
- SOZINOV, A.; LUKJANJUK, S.; IGNATOVA, S. Anther cultivation and induction of haploid plants in triticale. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, Berlin, v. 86, p. 272-285, 1981.
- STOLARZ, A. Cell and protoplast culture, somatic embryogenesis and transformation studies in different forms of *Triticosecale* Wittmack. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 2., 1990, Passo Fundo. **Proceedings...** Passo Fundo: EMBRAPA-CNPT: CIMMYT: ITA, 1991. p. 286-289.
- STOLARZ, A.; LÖRZ; H. Somatic embryogenesis, *in vitro* multiplication and plant regeneration from immature embryo explants of hexaploid triticale (*x Triticosecale* Wittmack), **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, Berlin, v. 96, p. 353-362, 1986.
- TAIRA, T. LELLEY, T.; LARTER, E. N. Influence of parental rye on the development of embryos and endosperm of wheat-rye hybrids. **Canadian Journal of Botany**, Ottawa, v. 56, p. 386-390, 1978.
- TAMS, S. H.; BAUER, E.; OETTLER, G.; MELCHINGER, A. E. Genetic diversity in European winter triticale determined with SSR markers and coancestry coefficient. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 108, p. 1.385-1.391, 2005.
- TAYLOR, J. W.; QUISENBERRY, K. S. Inheritance of rye crossability in wheat hybrids. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 27, p. 149-153, 1935.
- THOMAS, J. B.; KALTSIKES, P. J. Chromosome pairing in hexaploid in hexaploid triticale. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa. v. 13, p. 621-624, 1971.
- THOMAS, J. B.; KALTSIKES, P. J.; GUSTAFSON, J. P.; ROUPAKIAS, D. G. Development of kernel shriveling in triticale. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, Berlin, v. 85, p. 1-27, 1980.
- TOHVER, M.; KANN, A.; TÄHT, R.; MIHHALEVSKI, A.; HAKMAN, J. Quality of triticale cultivars suit able for growing and bread-making in northern conditions. **Food Chemistry**, Oxford, v. 89, p. 125-132, 2005.

- VARUGHESE, G.; PFEIFFER, W. H.; PENA, R. J. Triticale: a successful alternative crop. Part 2. **Cereal Foods World**, St. Paul, v. 41, n. 7, p. 635-645, 1996.
- WANG, Y. Y.; SUN, C. S.; WANG, C. C.; CHIEN, N. F. The induction of the pollen plantlets of Triticale and *Capsicum annuum* from anther culture. **Scientia Sinica**, Peking, v. 16, p. 147-151, 1973.
- WEIPERT, D. Triticale processing in milling and baking. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 1986, Sidney. **Proceedings...** Sidney: AIAS, 1986. v. 24. p. 402-411.
- WRIGTH, R. L.; AGYARE, J. A.; JESSOP, R. S. Selection factors for Australian grazing/dual purpose triticales. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 2., 1990, Passo Fundo. **Proceedings...** Passo Fundo: EMBRAPA-CNPQ: CIMMYT: ITA, 1991. p. 438-441.
- YEUNG, K. C.; LARTER, E. N. Pollen production and dissemination properties of triticale relative to wheat. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 52, p. 569-574, 1972.
- ZILLINSKY, F. J. The development of triticale. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 26, p. 315-348, 1974a.
- ZILLINSKY, F. J. The triticale improvement programme at CIMMYT. In: INTERNATIONAL TRITICALE SYMPOSIUM, 1973, El Batán. **Proceedings...** Ottawa: International Development Research Centre, 1974b. p. 81-85.
- ZIMNY, J.; BECKER, D.; BRETTSCHEIDER, R.; LÖRZ, H. Fertile, transgenic Triticale (*x Triticosecale* Wittmack), **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 1, p. 155-164, 1995.



*V*va

Da Antigüidade à mesa de nossos dias

Foto: Eugenio Barbieri





Elizete Beatriz Radmann
Valmor João Bianchi

Importância

A uva é considerada a fruta de domesticação mais antiga de que se tem conhecimento, graças ao fato de muitas civilizações antigas terem deixado algum registro a ela relacionado. A principal razão dessa popularidade é seu produto, o vinho, que faz da uva uma das frutas de maior produção mundial (SOUZA, 1996).

A cultura da videira é uma atividade econômica difundida em todos os continentes. Por existir há séculos, apresenta mercados consolidados tanto para o consumo in natura como na forma de produtos de transformação: vinho, espumante, suco, uvas passas, geléias e outros derivados (OLMO, 1995).

Os países europeus são os principais produtores de uva. Entre eles, destacam-se a Itália, a França, a Espanha e Portugal, os quais são também os maiores produtores e

consumidores mundiais de vinho. Na América do Sul, os principais países produtores são a Argentina e o Chile. Na produção de uvas para consumo in natura, Itália, Turquia, Chile, EUA e Espanha aparecem como os maiores produtores (FAO, 2006).

A viticultura brasileira é considerada uma atividade econômica recente e relativamente pequena em área, quando comparada à dos principais países produtores da Europa; porém, contempla vários segmentos da atividade, com exceção da produção de uvas para passas (CAMARGO, 2002). Entre 2001 e 2005, o Brasil produziu, em média, 1,15 milhão de toneladas de uvas, ocupando o 16º lugar na escala mundial, o que representa, aproximadamente, 14 % da produção do maior produtor mundial, a Itália (FAO, 2006). Entretanto, o cultivo da videira vem apresentando uma notável expansão nos últimos anos, tanto para os produtos elaborados, como vinho e sucos, quanto para a produção de uvas para consumo in natura (MELLO, 2003).

A Região Sul do Brasil se destaca como maior produtora de uvas. Entretanto, uvas produzidas nessa região destinam-se, principalmente, à elaboração de vinho, representando 90 % da produção nacional (MIELE; MIOLO, 2003), enquanto, nas regiões Sudeste e Nordeste, predomina a produção de uva para consumo in natura (MELLO, 2003).

A Região Nordeste do Brasil tem contribuído para a expansão da cultura, possibilitando o aumento da área cultivada, principalmente com a produção de uvas finas de mesa e, mais recentemente, de uvas destinadas a vinificação. A principal vantagem da viticultura nessa região, em relação à das demais regiões produtoras do País, advém, principalmente, da possibilidade de se obter duas safras e meia por ano, com manejo da irrigação e realização de podas programadas, permitindo, dessa forma, volumes maiores para exportação e melhores oportunidades de preços (CORREIA; SILVA, 2001).

Aspectos taxonômicos e genéticos da videira

Taxonomicamente, a videira pertence à divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, subclasse Rosidae, ordem Rhamnales, família Vitaceae ou Ampelidaceae (QUEIROZ-VOLTAN; PIRES, 2003). Segundo Olmo (1995), existem 12 gêneros na família Vitaceae; porém, o gênero *Vitis* é o único que apresenta importância econômica, social e histórica, pertencendo a ele todas as videiras, quer sejam silvestres, quer sejam cultivadas. Esse gênero é dividido em dois subgêneros: *Euvitis* e *Muscadinia*, os quais correspondem a seções de iguais nomes, estando as espécies agrupadas de acordo com a morfologia e a origem geográfica, conforme apresentado na Tabela 1.

A seção *Muscadinia* agrupa plantas que apresentam gavinhas simples, caule sarmentoso com lenticelas, feixes liberianos dispostos irregularmente, córtex aderente não esfoliável e nós no diafragma. Os frutos têm baixo teor de açúcar. Essa seção é representada por apenas três espécies, que são restritas ao sudeste dos EUA e ao nordeste do México. Na seção *Euvitis*, as espécies estão dispostas em 11 séries, com um total de 63 espécies, as quais apresentam características diferenciadas em relação às da seção *Muscadinia*, com gavinhas compostas ou bifurcadas, córtex esfoliável e nós com diafragma (QUEIROZ-VOLTAN; PIRES, 2003).

Dos 12 gêneros da família *Vitaceae*, 11 possuem $2n=40$ cromossomos (OLMO, 1995). Porém, o gênero *Vitis* apresenta-se com diferenças, pois todas as espécies da seção *Euvitis* apresentam $2n=38$ cromossomos, e as três espécies da seção *Muscadinia* possuem $2n=40$ cromossomos (CAMARGO, 2000).

Diferentemente dos híbridos entre espécies de *Vitis* (que são férteis), os híbridos intergenéricos são altamente estéreis. Na meiose, 13 bivalentes são formados, com diversos univalentes, com a fórmula genômica $13R^r R^v + 7A + 6B^1$, com 13 cromossomos homólogos de *V. vinifera* e

¹ /A – *Vitis rotundifolia*, e ^v/B – *Vitis vinifera*.

Tabela 1. Relação de espécies do gênero *Vitis* e sua origem.

Seção e espécie	Origem
Seção <i>Muscadinia</i>	
<i>Vitis rotundifolia</i> Michx.	Sudeste dos EUA e nordeste do México
<i>V. munsoniana</i> Simpson ex Munson	Sudeste dos EUA e nordeste do México
<i>V. popenoei</i> Fennell	Sudeste dos EUA e nordeste do México
Seção <i>Euvitis</i>	
Série 1 – Candicansae	
<i>V. candicans</i> Engelm. ex A. Gray	Texas e estados vizinhos, nordeste do México
<i>V. doaniana</i> Munson	Oklahoma, Texas
<i>V. longii</i> W. R. Prince & Prince	Noroeste do Texas
<i>V. coriacea</i> Miq.	Flórida e nordeste do Estado da Louisiana
<i>V. simpsonii</i> Munson	Flórida
<i>V. chantinii</i> Carrière	Texas central
Série 2 – Labruscae	
<i>V. labrusca</i> L.	Nordeste dos EUA
<i>V. coignetiae</i> Pulliat ex Planch.	Japão
Série 3 – Caribaeae	
<i>V. caribaea</i> DC.	Antilhas, México e Venezuela
<i>V. lanata</i> Roxb.	Índia, Nepal, Sri Lanka, sul da China
<i>V. blancoi</i> Munson	México
Série 4 – Arizonae	
<i>V. arizonica</i> Engelm.	Arizona, México
<i>V. californica</i> Benth.	Califórnia e sul do Estado de Oregon
<i>V. girdiana</i> Munson	Sul da Califórnia e México
<i>V. treleasei</i> Munson ex L. H. Bailey	México, Arizona, oeste do Texas, sul de Utah
Série 5 – Cinereae	
<i>V. cinerea</i> (Engelm.) Engelm. ex Millardet	Missouri, Texas, Louisiana, México
<i>V. berlandieri</i> Planch.	Texas e México
<i>V. baileyana</i> Munson	Virgínia, norte e sul do Estado da Carolina
<i>V. bourgaeana</i> Planch.	México
Série 6 – Aestivalae	
<i>V. aestivalis</i> Michx.	Nordeste dos EUA
<i>V. linsecomii</i> Buckley	Sudeste dos EUA
<i>V. bicolor</i> Raf.	Nordeste dos EUA
<i>V. bourquiniana</i> Munson	Sudeste dos EUA
<i>V. gigas</i> Fennell	Flórida
<i>V. rufotomentosa</i> Small	Flórida, Louisiana, Geórgia
Série 7 – Cordifoliae	
<i>V. cordifolia</i> Michx.	Nordeste dos EUA
<i>V. helleri</i> (L. H. Bailey) Small	Sul do Texas
<i>V. illex</i> L. H. Bailey	Flórida, Virgínia
<i>V. monticola</i> Buckley	Texas central
<i>V. rubra</i> Michx. ex Planch	Arkansas, Mississipi, Missouri, Illinois
Série 8 – Flexuosae	
<i>V. flexuosa</i> Thunb.	China, Japão, Coréia do Sul, Vietnã, Indonésia,
<i>V. balansana</i> Planch.	Índia, Nepal
<i>V. chunganensis</i> Hu	China, Vietnã, Tailândia
<i>V. pilosonerva</i> F. P. Metcalf	China
<i>V. thunbergii</i> (Siebold & Zucc.) Druce	China
<i>V. tsoi</i> Merr.	Japão, Taiwan, China
<i>V. chungii</i> F. P. Metcalf	Sudeste da China
<i>V. pentagona</i> Diels & Gilg	Sudeste da China
	China, Taiwan, Vietnã

Continua...

Tabela 1. Continuação.

Seção e espécie	Origem
<i>V. betulifolia</i> Diels & Gilg	China central
<i>V. amurensis</i> Rupr.	Sibéria, Mandchúria, China
<i>V. piasezkii</i> Maxim.	China e Coréia do Sul
<i>V. reticulata</i> Gagnep.	China central
<i>V. embergeri</i> Galet	China central
<i>V. retordii</i> Rom. Caill. ex Planch	China, Laos, Vietnã
<i>V. pedicellata</i> Lawson	Região do Himalaia
<i>V. silvestrii</i> Pamp.	China
<i>V. seguinii</i> H. Lév.	China
<i>V. chrysobotrys</i> H. Lév & Vaniot	China
<i>V. bryoniifolia</i> Bunge	China
<i>V. ficifolioides</i> W. T. Wang	China
<i>V. hancockii</i> Hance	China meridional
<i>V. hexamera</i> Gagnep	China
<i>V. pseudoreticulata</i> W. T. Wang	China
<i>V. wenchowensis</i> C. Ling	China
Série 9 – Spinosaes	
<i>V. armata</i> (Diels & Gilg)	China
<i>V. davidii</i> (Rom. Caill.) Foëx	China
<i>V. romanetii</i> (Rom. Caill)	China
Série 10 – Ripariae	
<i>V. riparia</i> Michx.	Nordeste dos EUA
<i>V. rupestris</i> Scheele	Sudeste dos EUA
Série 11 – Viniferae	
<i>V. vinifera</i> L.	Armênia e Mar Cáspio
<i>V. silvestrii</i> Pamp.	Armênia e Mar Cáspio

Fonte: Galet (1993).

V. rotundifolia, que se pareiam normalmente. Sugere-se, portanto, que os números básicos de cromossomos do genoma haplóide do ancestral da família provavelmente seriam cinco, seis e sete. De um lado, as espécies da seção *Euvitis* seriam poliplóides ancestrais secundários, envolvendo três conjuntos básicos na combinação $(6+7) + 6 = 19$, e, por outro lado, as espécies da seção *Muscadinia* teriam $(6+7) + 7 = 20$. As espécies, de alguma forma, teriam passado por uma diploidização, para obter pareamento regular (OLMO, 1995).

As espécies silvestres do gênero *Vitis* apresentam flores dióicas, ou seja, as plantas são unissexuais femininas ou masculinas. No entanto, a maioria das espécies, dos híbridos e das cultivares encontradas sob cultivo possui flores hermafroditas e é de autopolinização. O tipo sexual é determinado por três alelos (Su^+ , Su^F e Su^m)², sendo esse um sistema primitivo, no qual a

² + – Alelo da flor hermafrodita, ^F – alelo da flor feminina, e ^m – alelo da flor masculina.

diferenciação dos cromossomos sexuais ainda não ocorreu. A hermafrodita primitiva é Su^+Su^+ . Uma mutação dominante, Su^F , suprime o desenvolvimento do ovário para produzir flores masculinas. O alelo recessivo, Su^m , resulta na reflexão do filete e pólen estéril, para produzir órgãos femininos. Nas populações naturais, os machos ($Su^F Su^m$) e fêmeas ($Su^m Su^m$) ocorrem em número equivalente, e a polinização cruzada é realizada pelo vento e pelas abelhas. A relação de dominância entre os três alelos é $Su^F > Su^+ > S^m$ (OLMO, 1995).

Origem

A origem da videira remonta, aproximadamente, 120 milhões de anos, quando a Terra estava dividida em dois continentes, Laurásia, no Hemisfério Norte, e Gondwana, no Hemisfério Sul. Nesse período, ocorreu o aparecimento, a diversificação e a dispersão de espécies da família Vitaceae. Entretanto, na Era Cenozóica, no Período Terciário, há aproximadamente 60 milhões de anos, ocorreu a separação do continente norte-americano do euro-asiático, registrando-se, por meio de seleção natural, o desenvolvimento de espécies de videiras americanas, como *V. labrusca*, no que hoje é a América do Norte. Entretanto, na Europa/Ásia, e na Ásia, ocorre o desenvolvimento principalmente da espécie *V. vinifera*, formando-se, assim, três centros de origem da videira, ou seja, América, Eurásia e Ásia (MIELE; MIOLO, 2003).

Na Eurásia, região compreendida entre o Mar Cáspio e o Mar Negro, originou-se *V. vinifera*, a espécie mais cultivada e importante para a viticultura mundial. Essa região caracteriza-se por um clima temperado árido, com verão quente e seco e inverno frio e seco. O centro-americano abrange o maior número de espécies registradas, aproximadamente 30. As videiras silvestres foram encontradas desde o Canadá até a América Central, regiões que se caracterizam por apresentar diferentes tipos de clima, o que faz que esse centro seja importante não apenas pela

riqueza genética, mas também pelo uso no melhoramento, como na produção de uvas e derivados. A Ásia apresenta um clima semelhante ao da Eurásia, porém o clima é temperado úmido. Em geral, as espécies são pouco conhecidas e raramente utilizadas (GIOVANINI, 1999a).

No Período Quaternário, sobrevivendo às glaciações da época a videira se manteve principalmente em áreas meridionais dos continentes do Hemisfério Norte, adaptando-se às condições do frio polar. Em decorrência da hibridação natural e da mutação somática, surgiram novas espécies e variedades de videira, as quais se difundiram em vastas áreas do Hemisfério Norte como uma trepadeira selvagem nas florestas (MIELE; MIOLO, 2003).

Domesticação

Os frutos da *V. vinifera* silvestre foram usados por muito tempo, antes que alguma domesticação tivesse ocorrido, e o vinho produzido era de qualidade comparável ao daquele feito com as atuais cultivares. Pequenas áreas de refúgio, isoladas pelo período glacial, são encontradas espalhadas ao sul da Europa e ao norte da África, mas seu papel na domesticação é questionável (OLMO, 1995).

A domesticação teve início com a migração dos nômades que carregavam sementes de plantas arbóreas (pereira, figueira, ameixeira, álamo). Com uma agricultura sedentária desenvolvida, começaram a cultivar alguns vegetais e a criar animais. Paralelamente ao nascimento da agricultura, ocorreu o estabelecimento do cultivo da videira. O cultivo da videira para produção de vinho iniciou em 8000 a.C., no Oriente Próximo, mais precisamente entre a Armênia e a Pérsia, na região delimitada pelo Mar Negro e o Cáspio e as montanhas do Cáucaso. De acordo com lendas e tradições, a Armênia é considerada a primeira casa da uva e do vinho (SOUZA, 1996).

V. rotundifolia, por ser restrita ao sudeste dos Estados Unidos e nordeste do México, começou a ser cultivada pelos colonizadores das Ilhas Carolinas. Sua domesticação data do final do século 17 (OLMO, 1995). É provável que a domesticação das demais espécies americanas também tenha se iniciado nesse período.

A videira, quando comparada com outras plantas cultivadas, sofreu poucas modificações para o cultivo. Seu hábito trepador significou que poderia ser cultivada em associação com outros cultivos. Práticas culturais, como a poda, transformaram uma planta trepadeira em um pequeno arbusto, adequada para a monocultura. A menor estatura da planta “arbustiva” minimizou a necessidade de apoios e diminuiu o estresse de água em áreas semi-áridas. O advento da poda também aumentou o poder regenerativo. A estrutura lenhosa permitiu não somente a resistência a invernos rigorosos, como também a produção em regiões de climas mais amenos. Sendo assim, a videira adaptou-se a várias condições edafoclimáticas, o que favoreceu a sua expansão. No entanto, a principal mudança que converteu a videira silvestre em planta domesticada foi o hábito de florescimento para flores hermafroditas (completas), possibilitando, assim, a autopolinização, pois as espécies de *Vitis* silvestres são funcionalmente unissexuais (POMMER; MAIA, 2003).

Distribuição geográfica

Desde o início do seu cultivo, na região compreendida entre o Mar Cáspio e o Negro, ao sul do Cáucaso, *V. vinifera* se difundiu para o leste, o sul e o oeste (MIELE; MIOLO, 2003). Entretanto, os extensivos desertos e as altas montanhas da Ásia Central foram barreiras que impediram o movimento precoce de cultivares de *V. vinifera* da Ásia Central para o Oriente. O estabelecimento de novas videiras também foi dificultado pela falta

de frio e pela pouca adaptação em regiões de verões chuvosos, não existindo evidência de cultivo na Grécia até o primeiro milênio a.C. O movimento da videira para o Ocidente ocorreu a partir da Ásia Menor e da Grécia, seguindo as rotas marítimas dos fenícios. Na Grécia, o cultivo da videira alcançou extraordinário progresso, o que repercutiu em sua história, tradição, crença e costumes. Posteriormente, a civilização grega difundiu a vitivinicultura para a Sicília e para a Itália. Por sua vez, os romanos estabeleceram as bases de uma vitivinicultura para fornecer vinho a todo o Império Romano. Quase ao mesmo tempo, expandiu-se para o norte da África e da França, e os romanos, com seu império do Ocidente, levaram-na para quase toda a Europa. A expansão se deu principalmente pelos rios Danúbio, Rhone, Rhine, Tiber e Douro. Em 55 d.C., os vinhedos foram estabelecidos ao longo do vale de Mosella, na Alemanha (OLMO, 1995).

Com a Queda do Império Romano, e com as sucessivas invasões de bárbaros e a restrição ao uso de bebidas alcoólicas imposta pela Igreja, ocorreu uma descontinuidade no sistema de produção de uva e de vinho. A partir de então, a difusão passou a ser associada com a fé cristã, uma vez que o vinho é um ingrediente necessário para a consagração da missa. Na Idade Média, os mosteiros católicos na Europa foram os guardiões dos vinhedos selecionados; no entanto, mais tarde, entre os séculos 10 e 12, ocorreu um renascimento da vitivinicultura por causa da forte presença da Igreja e do regime feudal presente na Europa. Portanto, nos séculos 13 e 14, Bordeaux, na França, e Colônia, na Alemanha, tornaram-se os principais centros de produção de uva e de vinho. No Novo Mundo, *V. vinifera* foi introduzida na época da conquista, principalmente por navegações espanholas e portuguesas. O primeiro registro foi verificado no Caribe (1943), de onde foi difundida para a América Central e, posteriormente, para toda a América (MIELE; MIOLO, 2003).

De acordo com Souza (1996), os portugueses foram os primeiros a trazer material vegetativo para a América do

Sul, por intermédio de Martin Afonso de Souza, em 1532, na Capitania de São Vicente, no litoral de São Paulo. No Nordeste brasileiro, no século 16, ocorreu a introdução de *V. vinifera* nos estados da Bahia e de Pernambuco. Posteriormente, ela foi levada para o sertão do Vale do São Francisco, provavelmente no século 18.

No Rio Grande do Sul, a videira foi introduzida pelo jesuíta Roque Gonzáles de Santa Cruz, em 1626. Em meados do século 18, os colonos açorianos introduziram variedades portuguesas em território sul-rio-grandense, mas o maior desenvolvimento ocorreu em meados do século 19. Isso se deu em virtude da presença, inicialmente, de colonos alemães e, posteriormente, de imigrantes franceses, os quais possuíam conhecimentos adquiridos dos ancestrais. No entanto, entre 1830 e 1840, o que dinamizou a cultura da videira no Rio Grande do Sul foi a introdução, por meio de material vegetativo oriundo dos Estados Unidos, da variedade Isabel, cujos primeiros vinhedos foram estabelecidos no Município de Rio Grande (MIELE; MIOLO, 2003).

Essas características se refletem no Brasil até os dias hoje, pois a produção comercial de uva é baseada principalmente em espécies americanas (*V. labrusca* e *V. bourquina*) e híbridas, representando mais de 80 % do volume de uvas processadas no País (CAMARGO, 2004).

A cultivar Isabel (*V. labrusca*) continua sendo produzida desde a sua introdução no Brasil, respondendo por, aproximadamente, 50 % do volume produzido. É a principal cultivar produzida nos vinhedos dos estados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina, com expansão em outros estados brasileiros, como Minas Gerais, Goiás e Pernambuco (CAMARGO, 2004).

O predomínio dessa cultivar, bem como sua expansão em diferentes pontos do Brasil, devem-se à fácil adaptação à variabilidade de condições edafoclimáticas e à qualidade da uva, originando produtos com tipicidade e boa aceitação em determinados mercados (CAMARGO, 2004). A facilitação

dade de adaptação da cultivar Isabel é uma característica das espécies americanas, pois, em comparação às cultivares viníferas européias, estas últimas apresentam maior resistências a doenças fúngicas, proporcionada por sua maior rusticidade (GIOVANNINI, 2001).

Apesar da introdução precoce da videira no Brasil, e da influência de diversas etnias, o maior desenvolvimento se deve aos imigrantes italianos que aqui chegaram em 1875, colonizando a Serra Gaúcha e estabelecendo os fundamentos da viticultura brasileira (MIELE; MIOLO, 2003).

Portanto, a produção de uvas, vinho e derivados, no Brasil, consolidou-se na segunda metade do século 19, em regiões de clima temperado. Entretanto, a partir da década de 1960, a viticultura brasileira começou a se desenvolver também em regiões tropicais, e, mais recentemente, vem ganhando espaço em diferentes pontos do País, demonstrando seu potencial como alternativa frutícola em regiões tropicais (CAMARGO, 2002).

Paralelamente ao desenvolvimento da viticultura na América, em meados do século 17 ela foi introduzida na África do Sul e, no final do século 18, na Austrália (OLMO, 1995).

Propagação e melhoramento genético

As videiras *V. vinifera* foram propagadas desde os tempos mais remotos por sementes e rebentos, e permaneceram relativamente livres de pragas e doenças. Entretanto, em 1860, elas começaram a morrer em vinhedos franceses e, em 1868, um pulgão-da-raiz (filoxera) foi identificado como causador do problema. A filoxera é um pulgão subterrâneo, originário dos Estados Unidos. Essa praga provoca a formação de galhas no sistema radicular, com posterior apodrecimento das raízes, reduzindo o desenvolvimento da planta e culminando em sua morte (GIOVANNINI, 1999b). Em poucos anos, milhares de hectares estavam arruinados e quase todos os plantios

próximos à Europa estavam ameaçados. Foi divulgado, à época, que híbridos americanos, como Isabel, Herbemont, Concord e outros que foram introduzidos em anos anteriores, apresentavam alguma tolerância. O governo francês enviou, então, especialistas para os Estados Unidos, com a finalidade de descobrir as melhores fontes de resistência. Seleções de *V. riparia*, *V. rupestris* e *V. berlandieri* provaram ser as mais úteis. Desde então, híbridos interespecíficos foram obtidos e selecionados como porta-enxertos resistentes a essa praga (OLMO, 1995).

Portanto, a criação de porta-enxerto foi o primeiro programa de melhoramento em grande escala na cultura da videira. Porém, a enxertia era cara, e muitos melhoristas passaram a dedicar-se à obtenção de novas plantas que pudessem combinar resistência à filoxera e produção de frutos com boa qualidade para vinho. Depois de quase um século, no entanto, esse ideal ainda permanecia como um sonho, ainda que alguns dos híbridos obtidos demonstrassem melhor resistência a doenças fúngicas. Em algumas áreas, os híbridos foram mais bem adaptados que as viníferas, e produziram vinhos de qualidade aceitável. Dessa forma, eles foram a base de novas regiões produtoras em várias partes do mundo, nas quais *V. vinifera* não se adaptou bem, inclusive no Brasil (POMMER et al., 2003).

Novas variedades foram também obtidas sem a intervenção direta do homem, pois *V. vinifera* foi introduzida em outras regiões, freqüentemente hibridizando com *Vitis* nativas. Portanto, novos híbridos foram descobertos ao longo da costa do Atlântico, como mudas espontâneas, e foram lançados como novas variedades, entre elas Alexander, Concord e Delaware (OLMO, 1995).

De acordo com Olmo (1995), a partir da domesticação de *V. vinifera*, por volta de 8000 a.C., constatou-se a grande diversidade genética e morfológica dentro do gênero *Vitis*, que, aliada à fácil propagação assexuada, propiciou o surgimento de um número elevado de cultivares.

Hoje estão disponíveis várias cultivares de porta-enxertos e milhares de cultivares copa, cada qual com suas características próprias. Entretanto, é preciso ressaltar que somente a experimentação regional pode determinar com precisão qual delas é a melhor (CAMARGO, 2002).

O trabalho de melhoramento continua, e alguns dos híbridos mais recentes têm germoplasma de até seis espécies americanas, mas o retrocruzamento com *V. vinifera* ainda é praticado para melhorar a qualidade deles. O cruzamento entre *V. rotundifolia* e *V. vinifera* tem sido explorado como meio de melhorar a resistência a doenças das viníferas, bem como a qualidade da fruta de *V. rotundifolia*. Nas últimas décadas, muitos foram os esforços dos países da Europa para a obtenção de novas cultivares. Nos Estados Unidos, graças à ocorrência de espécies silvestres de *Vitis*, os trabalhos de melhoramento na costa leste começaram bem mais cedo. Na Califórnia, pela relevância econômica alcançada pela viticultura, concentraram-se os grandes esforços de melhoramento para uvas de vinho, de mesa e passas. Em outros países, como Israel, Austrália, Argentina e África do Sul, onde o programa de melhoramento genético é ativo, é constante o lançamento de cultivares, tanto para vinho como para mesa. No Brasil, os trabalhos de melhoramento genético são realizados no Rio Grande do Sul e em São Paulo, por causa da importância da viticultura nesses estados (POMMER, 2002).

Nos programas brasileiros de melhoramento genético, grandes esforços têm sido empenhados em relação à adaptação e ao manejo de cultivares, pois a viticultura brasileira é baseada principalmente em cultivares importadas, especialmente da Europa e dos Estados Unidos. Atenção especial é dada a cultivares de *V. vinifera*, pois elas são bem mais sensíveis a pragas e a doenças, e menos adaptadas do que as cultivares americanas (CAMARGO, 2002).

Grandes esforços foram realizados com o objetivo de substituir as cultivares americanas por *V. vinifera*, uma vez que ela é reconhecida mundialmente em qualidade de uva

para a produção dos melhores vinhos. Porém, a alta sensibilidade dessa espécie a doenças fúngicas e virais impediu sua expansão no Rio Grande do Sul (CAMARGO, 2002). Entretanto, mais recentemente, nas regiões tropicais, especialmente no Vale do São Francisco, o cultivo de uvas finas cresceu significativamente. Na viticultura tropical, no entanto, as cultivares apresentam problemas de adaptação, pois o cultivo é exercido exclusivamente com cultivares oriundas de regiões temperadas (CAMARGO; OLIVEIRA, 2001).

Em virtude do fato de *V. vinifera* não apresentar boa adaptação no Rio Grande do Sul, as cultivares de espécies americanas e híbridas ocuparam espaço nessa região, pois se adaptaram bem às condições climáticas do Sul do Brasil e são altamente produtivas e resistentes às doenças fúngicas. As cultivares americanas produzem uvas para elaboração de vinho com boa aceitação em determinados mercados (CAMARGO, 2003). Uma característica peculiar das uvas americanas é a produção de suco, já que elas possuem aroma e sabor apreciados pelos consumidores brasileiros e de outros países, como os Estados Unidos, Canadá e Japão. Portanto, cada espécie apresenta características de alta qualidade de fruta para fins específicos (CAMARGO; MAIA, 2004).

Nesse sentido, destaca-se a preocupação dos melhoristas com o desenvolvimento de cultivares brasileiras, adaptadas às diversas condições ambientais nos diferentes pólos produtores, bem como com as boas características de produtividade e de qualidade de fruta, para os diferentes nichos de mercado (CAMARGO, 2002).

O melhoramento genético buscando resistência a pragas e a doenças também é uma prioridade na viticultura brasileira e, dessa forma, as espécies silvestres são importantes fontes de resistência (CAMARGO, 2000). Novas cultivares de uva têm sido lançadas nos últimos anos pela Embrapa Uva e Vinho, situada em Bento Gonçalves, no Estado do Rio Grande do Sul. Com relação à espécie *V. vinifera*, foram lançadas em 2003 as três primeiras cultivares de uvas apirênicas (sem semente), BRS Clara, BRS Linda e BRS Morena. Todas apresentaram fertilidade

natural nas condições de clima tropical do Brasil e frutas de boa qualidade. Novas cultivares de uva para elaboração de suco e vinho de mesa também foram lançadas nos últimos anos.

Em 2004, a Embrapa lançou a BRS Coroa (*V. labrusca*) para produção de suco, como alternativa com ampla área de adaptação, avaliada positivamente no Estado do Rio Grande do Sul e em determinadas regiões de São Paulo, de Minas Gerais e de Mato Grosso (CAMARGO; MAIA, 2004).

As cultivares Isabel precoce e BRS Violeta, ambas *V. labrusca* e destinadas à produção de uva para suco e vinho de mesa, foram lançadas em 2004 e 2005, respectivamente. A primeira cultivar visa a uma ampliação do período de processamento no tradicional cultivo no Sul do País, bem como à possibilidade de duas colheitas em regiões de clima tropical no Brasil (CAMARGO, 2004). A segunda cultivar foi lançada com o objetivo de atender a região tropical, uma vez que essa região está contribuindo para a expansão da cultura. Essa espécie está sendo testada também sob clima temperado (CAMARGO et al., 2005).

Apesar da adaptação de cultivares às diferentes regiões produtoras do Brasil, da resistência às doenças e às pragas, e da qualidade da uva, é preocupante a erosão genética causada pelo próprio homem a partir da destruição da flora natural, o que leva a uma limitação na variabilidade genética e dificulta os trabalhos de melhoramento. Nesse sentido, surgiu a necessidade de assegurar a preservação da variabilidade genética em bancos de germoplasma. A conservação de germoplasma de uva no Brasil está sob responsabilidade da Embrapa Uva e Vinho, que mantém uma coleção de acessos, que inclui espécies silvestres, variedades cultivadas e híbridas (CAMARGO, 2000).

Perspectivas

O cultivo da videira no Brasil está crescendo a cada ano, com a expansão das áreas de cultivo tanto no Rio Grande

do Sul (na região da Campanha), quanto no Nordeste brasileiro. O desenvolvimento de cultivares nacionais está, em parte, contribuindo para essa expansão, o que reflete positivamente na produção, tanto para consumo interno, como para exportação. A utilização de uvas finas em determinadas regiões também está auxiliando a ampliação do cultivo da videira. Em vista disso, existe a possibilidade de que seja melhorada a qualidade do vinho, bem como a produção de uvas finas para consumo in natura, embora, muitos aspectos ainda precisam ser aprimorados, como resistência a doenças e pragas. Dessa forma, as espécies silvestres são importantes fontes de resistência, principalmente as do grupo das Muscadinias. O advento da biotecnologia é outro fator relevante para o alcance de determinados objetivos. Nesse sentido, o uso de marcadores moleculares, apesar de ser incipiente para a videira, poderá contribuir para o desenvolvimento da viticultura no Brasil, e representar novas alternativas num futuro próximo.

Referências

- CAMARGO, U. A. Classificação botânica. In: SOUZA LEÃO, P. C. de (Ed.). **Uva de mesa: produção**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001. p. 12-13.
- CAMARGO, U. A. Espécies e cultivares. In: KUHN, G. B. (Ed.). **Uva para processamento: produção**. Bento Gonçalves: Embrapa Transferência de Tecnologia, 2003. p. 34-41.
- CAMARGO, U. A. **Isabel precoce**: alternativa para a vitivinicultura brasileira. Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho, 2004. 4 p.
- CAMARGO, U. A.; MAIA, J. D. G.; NACHTIGAL, J. C. **BRS Violeta**: nova cultivar de uva para suco e vinho de mesa. Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho, 2005. 4 p.
- CAMARGO, U. A.; MAIA, J. D. G. **Nova cultivar de uva para suco, adaptada a climas tropicais**. Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho, 2004. 4 p.
- CAMARGO, U. A. Melhoramento genético da videira. In: SOUZA LEÃO, P. C. de; SOARES, J. M. (Ed.). **A vitivinicultura no Semi-Árido brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semi-Árido, 2000. p. 65-91.
- CAMARGO, U. A. Novas cultivares de videira para vinho, suco e mesa. In: REGINA, M. A. et al. (Ed.). **Viticultura e enologia: atualizando conceitos**. Caldas: EPAMIG-FEDEC, 2002. p. 33-48.
- CAMARGO, U. A.; OLIVEIRA, P. R. D. Melhoramento genético. In: SOUZA LEÃO, P. C. de (Ed.). **Uva de mesa: produção**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001. p. 14-19.
- CORREIA, R. C; SILVA, P. C. G. Aspectos socioeconômicos da viticultura. In: SOUZA LEÃO, P. C. de (Ed.). **Uva de mesa: produção**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001. p. 14-19.

- FAO. FAOSTAT. Disponível em: <<http://faostat.org.br>>. Acesso em: 20 abr. 2006.
- GALET, P. **Précis de viticulture**. Paris: Dehan, 1993. 582 p.
- GIOVANNINI, E. Pragas. In: GIOVANNINI, E. **Produção de uvas para vinho, suco e mesa**. Porto Alegre: Renascença, 1999b. p. 345-348.
- GIOVANNINI, E. Sistemática da videira. In: GIOVANNINI, E. **Produção de uvas para vinho, suco e mesa**. Porto Alegre: Renascença, 1999a. p.14-21.
- GIOVANNINI, E. **Uva agroecologia**. Porto Alegre: Renascença, 2001. 136 p.
- MELLO, L. M. de. Análise socioeconômica da vitivinicultura. In: KUHN, G. B. (Ed.). **Uva para processamento: produção**. Bento Gonçalves: Embrapa Transferência de Tecnologia, 2003. p. 15-23.
- MIELE, A.; MIOLO, A. **O sabor do vinho**. Bento Gonçalves: Vinícola Miolo: Embrapa Uva e Vinho, 2003. 136 p.
- OLMO, H. P. Grapes. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. (Ed.) **Evolution of crop plants**. 2. ed. Essex: Longman, 1995. p. 485-490.
- POMMER, C. V.; MAIA, M. L. A uva. In: POMMER, C. V. (Ed.). **Uva: tecnologia de produção, pós-colheita, mercado**. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2003. p. 11-35.
- POMMER, C. V. Videira. In: BRUCKNER, C. H. (Ed.). **Melhoramento de fruteiras de clima temperado**. Viçosa: UFV, 2002. p. 127-186.
- POMMER, C. V.; TERRA, M. M.; PIRES, E. J. P. Cultivares, melhoramento e fisiologia. In: POMMER, C. V. (Ed.). **Uva: tecnologia de produção, pós-colheita, mercado**. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2003. p. 109-319.
- QUEIROZ-VOLTAN, R. B.; PIRES, E. J. P. A videira. In: POMMER, C. V. (Ed.) **Uva: tecnologia de produção, pós-colheita, mercado**. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2003. p. 37-61.
- SOUZA, J. S. I. de. História da viticultura. In: SOUZA, J. S. I. **Uvas para o Brasil**. Piracicaba: FEALQ, 1996. p. 13-52.



Na Livraria Virtual da Embrapa,
você encontra livros, fitas de vídeo,
DVDs e CD-ROMs sobre agricultura,
pecuária, negócio agrícola, etc.

Para fazer seu pedido, acesse
www.sct.embrapa.br/liv

ou entre em contato conosco

Fone: (61) 3340-9999

Fax: (61) 3340-2753

vendas@sct.embrapa.br

Impressão e acabamento
Embrapa Informação Tecnológica



Viaje através do tempo, e por lugares distantes, na leitura deste livro sobre a origem e a evolução de diversas espécies de plantas – cereais, leguminosas, hortaliças, frutas, oleaginosas, ornamentais, forrageiras, entre outras –, as quais são hoje amplamente conhecidas e utilizadas em diferentes partes do mundo. Cuidadosamente escrito por um grande grupo de autores de diferentes Unidades de pesquisa da Embrapa, de universidades e de outras instituições, este livro destina-se a pesquisadores, a professores, a estudantes e a demais interessados no tema.