



**USP ESALQ – ASSESSORIA DE COMUNICAÇÃO**

Veículo: Grupo Cultivar

Data: 10/07/2013

Link: <http://www.grupocultivar.com.br/site/content/noticias/?q=36937>

Assunto: Pesquisa da ESALQ revela mapa genético do maracujá-doce

## **Pesquisa da Esalq revela mapa genético do maracujá-doce**

Desde meados da década de 1990, a professora Maria Lucia Carneiro Vieira, do Departamento de Genética (LGN), da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (Esalq), desenvolve pesquisas com as passifloras cultivadas, popularmente conhecidas como maracujás. “Temos conduzido estudos moleculares visando à construção de mapas de ligação e o mapeamento de genes, tanto de maracujá azedo como doce”. Segundo a docente, várias publicações têm sido geradas e estudantes vêm se formando no âmbito dessa linha de pesquisa, gerando conhecimento sobre genética molecular e genômica dessas espécies, fornecendo subsídios para o seu melhoramento.

Um desses estudos foi desenvolvido pelo biólogo Guilherme da Silva Pereira. Durante o mestrado no Programa de Genética e Melhoramento de Plantas, o pesquisador, junto com uma equipe de oito pós-graduandos, além dos docentes Antônio Augusto Franco Garcia (também do LGN) e a Maria Lucia Carneiro Vieira, trabalharam no desenho para construir o mapa genético do maracujá-doce (*Passiflora alata*), uma espécie diploide de cruzamento muito apreciada para o consumo in natura e considerada pelas empresas farmacêuticas e de cosméticos como fonte para a elaboração de produtos de origem vegetal.

“Um dos atuais desafios dos estudiosos das espécies frutíferas tropicais é incorporar abordagens moleculares nos estudos sobre a herança de caracteres relacionados à produção e à qualidade dos frutos, bem como para gerar conhecimento sobre a sua biologia e diversidade”, afirma Maria Lucia, coordenadora do Laboratório de Genética Molecular de Plantas Cultivadas

De acordo com o pesquisador, em primeiro lugar procurou-se caracterizar o polimorfismo molecular entre dois acessos fenotipicamente distintos de maracujá-doce, sendo um oriundo da Amazônia e outro coletado em um pomar comercial, na região de Piracicaba. Estes acessos foram cruzados, gerando uma família de 180 irmãos completos. O mapa de ligação foi construído com base em uma metodologia estatística apropriada para a espécie, compilando marcadores dominantes e codominantes, bem como marcadores funcionais anônimos e putativos. “Para desenvolver esses marcadores funcionais, que são importantes para enriquecer os mapas de ligação, foram utilizadas novas estratégias moleculares, já que há pouca informação sobre as sequências de DNA das passifloras em bancos de dados públicos”, afirma Guilherme, autor do artigo “Polimorfismo molecular e análise de ligação em maracujá-doce, uma espécie de cruzamento”, que acabou de ser publicado na edição de maio do periódico *Annals of Applied Biology* e o mapa gerado foi escolhido para ilustrar a capa do exemplar.

Os próximos passos, de acordo com o pós-graduando, são estudar essas variações genéticas e identificar quais locos controlam características quantitativas, ou seja, fatores genéticos que condicionam variáveis como altura, produtividade, quantidade de açúcar no fruto, resistência às bactérias, entre outros. “Com a arquitetura genética conhecida, poderemos refinar o trabalho de melhoramento e identificar populações da planta que possam atender às demandas de interesse comercial”.

As informações geradas por esse trabalho já são utilizadas, por exemplo, por Lourdes Chavarrías Peres, agrônoma da Costa Rica que desenvolve, no mesmo Laboratório, uma pesquisa para gerar uma variedade comercial para o maracujá-doce. “A partir dos genótipos estudados da família de 180 indivíduos, selecionamos 30”. Esses 30 tem características relacionadas à espessura da casca e ao teor da polpa, ou seja, os pesquisadores estão buscando mais polpa e uma casca mais fina, para atender o consumidor. “Estamos levando esses indivíduos para o campo para avaliar esses caracteres em escala maior. Ainda não podemos falar de uma variedade comercial antes de realizar novos cruzamentos, etapa que deve durar cerca de 5 ciclos, ou 5 anos”. Dessa população estudada na Estação Experimental de Anhumas, Lourdes fará mais um cruzamento entre aqueles indivíduos que apresentarem melhor desempenho. “Assim poderemos adiantar o processo de seleção visando obter uma população melhorada”, afirma a costarriquenha.

### Xanthomonas

A agrônoma Cassia Pinheiro iniciou o doutorado em 2011 com objetivo de verificar se, entre os genótipos da família de irmão completos, a mesma que deu origem ao mapa publicado nos *Annals of Applied Biology*, quais apresentam uma boa resistência a uma bactéria agressiva (*Xanthomonas axonopodis* pv *passiflorae*) em diversos pomares de maracujá. “Essa bactéria causa a doença conhecida como Bacteriose, Crestamento bacteriano ou Mancha angular, que em condições de alta umidade e temperatura pode levar as plantas à morte”, relata Cassia. “O trabalho está em andamento e visa, junto com o trabalho executado pela pós-graduanda Lourdes, nós possamos identificar uma planta que seja boa em produção e qualidade dos frutos e também apresente uma certa resistência a essa doença”, complementa.

Contra a mesma bactéria luta, também, a engenheira agrônoma Zirlane Portugal da Costa, que atua no desenvolvimento de marcadores moleculares que serão adicionados ao mapa genético do maracujá. Estes marcadores estão sendo desenvolvidos a partir de uma biblioteca de expressão, trabalho da doutoranda Carla de Freitas Munhoz. “Esta biblioteca de expressão foi obtida a partir de folhas de plantas de maracujá amarelo inoculadas (infectadas) com a bactéria *Xanthomonas*”, conta Zirlane. Segundo a pesquisadora, estas plantas responderam ao ataque da bactéria e a lesão da folha causada pelo ataque foi utilizada para extração dos RNAs, (ou transcritos) que foram expressos em resposta a bactéria. Assim, foram obtidas sequências de genes associados à defesa contra a bactéria. “A partir dessas sequências, estamos desenvolvendo marcadores moleculares para saturar o mapa de ligação do maracujá doce, ou seja, adicionar marcas funcionais ao mapa de ligação”.