



Pesquisa mapeia diversidade genética do alho

O alho é uma das hortaliças mais antigas, usada pela humanidade desde o período Neolítico (5.000 a.C.). Na antiguidade, para indianos, egípcios, gregos, hebreus, russos e chineses a importância do alho era equiparada a do sal, usado na conservação de carnes e cadáveres e essencial na dieta de escravos, além da conotação mística devido à proteção contra doenças e o mal.

Hoje estes poderosos bulbos vêm sendo extensivamente estudados pela ciência. São mais de 3600 artigos publicados relacionados a pesquisas nas áreas médica, farmacológica e nutricional (PubMed). O consumo regular de alho comprovadamente reduz o risco de doenças cardiovasculares, diabetes, asma e alguns tipos de câncer. Para a agricultura as propriedades antifúngicas, bactericidas e inseticidas podem ser usadas no controle de pragas.

No Brasil, o consumo de alho apresenta aumento de 4% ao ano, enquanto a área plantada vem reduzindo, por isso, há dependência de importações. “Devido às inúmeras aplicações da espécie e o potencial econômico, o interesse em conhecermos a diversidade de nossas coleções aumenta. Muitos países, como Alemanha, Austrália, Brasil, Chile, Coreia do Sul, EUA e Turquia, possuem bancos de germoplasma, mas somente a partir da caracterização fenotípica e molecular será possível traçar estratégias eficazes para o melhoramento genético da espécie”, afirma Camila Pinto da Cunha, engenheira agrônoma e autora da pesquisa “Desenvolvimento de marcadores microssatélites e caracterização da diversidade genética molecular de acessos de alho”.

O estudo foi executado no programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (USP/ESALQ), sob orientação do professor José Baldin Pinheiro. Na prática, a autora desenvolveu locos microssatélites, também conhecidos pela sigla em inglês SSR (Simple Sequence Repeats) específicos para alho, utilizando-os para a caracterização da diversidade genética dos bancos de germoplasma do Departamento de Genética (LGN) da ESALQ, do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e da Embrapa Hortaliças.

Segundo a pesquisadora, a caracterização dos bancos de germoplasma é feita principalmente por caracteres agromorfológicos, cuja alta influência ambiental e os diferentes critérios em nível nacional e internacional inviabilizam estudos comparativos. Por isso, os marcadores moleculares, como os SSR, são hoje os mais indicados para estudos em genética, de diversidade genética, mapeamento genético e associativo até filogenia, destacando-se pela alta detecção de polimorfismo e segregação mendeliana.

No laboratório – Com o aumento do interesse no alho como fitoterápico, o desafio será conhecer melhor a espécie, hoje pouco estudada em termos genéticos. “No início do projeto não haviam marcas SSR desenvolvidas para alho. No final de 2009, oito marcas polimórficas foram publicadas por um grupo de pesquisadores da Coreia do Sul. Nós desenvolvemos outras 16, dez polimórficas. O número reduzido de marcas SSR específicas para alho, quando comparado a outras espécies, se deve a complexidade do genoma, que dificulta o desenvolvimento e otimização das mesmas”, salienta.

Com o uso dos marcadores SSR desenvolvidos, a pesquisa relatou uma riqueza de tipos diferentes de alho, difícil de ser identificada pelo fenótipo. “Considerando que a propagação da espécie é vegetativa, esperávamos um maior número de acessos duplicados”. A autora ressalta ainda, que as marcas SSR abrem portas para futuros estudos em genética com a espécie. “A diversidade dos acessos de alho de nossas coleções são a base para um futuro programa de melhoramento genético, para desenvolvimento de novas variedades”, conclui.

Caio Albuquerque

Fonte: Assessoria de Comunicação (Acom) - USP ESALQ