



USP ESALQ – DIVISÃO DE COMUNICAÇÃO

Veículo: ATP

Data: 11/05/2018

Caderno/Link: Pág. A4

Assunto: Estudo identifica regiões do genoma da soja

ESALQ

Estudo identifica regiões do genoma da soja

Um estudo desenvolvido no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (USP/Esalq) promete auxiliar nas estratégias de melhoramento da soja brasileira. A autoria é da biotecnóloga Maisa Curtolo, que teve orientação de José Baldin Pinheiro, professor do departamento de Genética da Esalq.

A pesquisa utilizou o mapeamento por desequilíbrio de ligação e da busca de sinais de seleção para a identificação de regiões do genoma da soja que possam estar envolvidas no controle de caracteres de importância agrônômica. Foram identificados 181 SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) associados ao controle de dez importantes caracteres da soja, sendo várias regi-

ões ainda não relatadas em outros estudos, portanto algumas são inéditas. Além disso, regiões ainda não exploradas no genoma das cultivares brasileiras de soja foram observadas pelas análises de sinais de seleção.

"A soja é considerada a cultura de maior importância mundial na atualidade devido a sua grande utilização e também por seu elevado conteúdo de proteína e óleo. Assim é considerada como a commodity agrícola que mais contribui para economia mundial", salienta Maisa.

A autora lembra ainda que o lugar de destaque desta cultura só foi possível pelo desenvolvimento de novas cultivares associado ao manejo adequado. "A busca de uma matriz produtiva mais sustentável, cultivo sob condições climáticas mais estressantes e imprevisíveis

é essencial para o futuro. Entretanto, esta tarefa representa o maior desafio para os melhoristas".

Para acelerar e auxiliar neste processo, técnicas modernas de melhoramento devem ser exploradas. "Neste sentido, destaca-se a utilização de abordagens que conectem as informações do genoma aos caracteres do fenótipo da planta".

Pela análise do mapeamento por desequilíbrio de ligação, um total de 181 SNPs distribuídos nos 20 grupos de ligação (GLs) da soja foram associados ao controle de dez caracteres. A comparação dos SNPs identificados no presente estudo com o banco de dados do Soybase forneceu evidências de que várias regiões ainda não foram descritas na literatura associadas a alguma resposta fenotípica. Desta forma, o es-

tudo apresentou regiões inéditas, incluindo QTLs (Quantitative Trait Locus) associados à produtividade de grãos. A investigação por sinais de seleção demonstrou que 31 regiões apresentam forte indicativos de estarem sob seleção, e podem estar envolvidas no controle do fenótipo, sendo isto evidenciado pela co-localização de QTLs nas regiões do genoma aos quais estas foram identificadas.

"Os resultados permitem inferir sobre a complexidade dos caracteres de importância para a soja, bem como verificar regiões que ainda não foram exploradas pelo melhoramento. Isto pode auxiliar o melhorista na definição de estratégias nos processos de seleção dos programas de melhoramento da cultura, e possibilitar maior eficiência no processo", finaliza Maisa.

