

MELHORAMENTO, GENÉTICA E GENÔMICA DE CITROS PARA RESISTÊNCIA A DOENÇAS

MARCOS A. MACHADO, MARIÂNGELA CRISTOFANI-YALY, MARINÊS BASTIANEL¹

Resumo - Embora a citricultura seja uma das mais importantes atividades econômicas no Brasil, ela está apoiada em um pequeno número de variedades. Este fato tem contribuído para sua vulnerabilidade, especial no que se refere a fatores fitossanitários. A obtenção de um maior número de variedades, seja para a indústria seja para o mercado de fruta fresca, tem sido um dos principais objetivos dos programas de melhoramento. O melhoramento genético de citros tem sido ampliado nas últimas décadas em função da possibilidade de associação de ferramentas da biotecnologia e métodos clássicos de melhoramento. O uso de marcadores moleculares para a seleção precoce de plântulas zigóticas em cruzamentos controlados ampliou a possibilidade de seleção de maior número de novas combinações e, em consequência, o estabelecimento de grande número de híbridos em experimentos de campo. Quanto mais rápido novas ferramentas sejam incorporadas ao programa, mais rápido é a possibilidade de obter novos genótipos que possam ser testados como variedades. Características adequadas podem ser incorporadas ou mantidas, enquanto características indesejáveis podem ser excluídas ou minimizadas nos novos genótipos. Copas e porta-enxertos não podem ser considerados separadamente, e a compatibilidade de enxertia, qualidade de fruta e produtividade são características essenciais a serem avaliadas nos últimos estágios do programa. Mapeamento de características quantitativas (QTLs) tem propiciado os programas de melhoramento de várias espécies lenhosas perenes, e em citros é possível mapear várias características com herança quantitativa e qualitativa. A existência de mapas de ligação e QTLs, o desenvolvimento de bibliotecas de ESTs e BACs, assim como o sequenciamento completo do genoma de citros, ampliam a urgência para exploração de tais dados para ampliar os conhecimentos sobre genética do grupo. O volume crescente de informações de genomas de vários outros organismos tem ampliado novas abordagens procurando a integração entre melhoramento, genética e genoma. Seleção assistida por genoma envolve mais que sequenciamento de genes ou genomas completos e tem se tornado uma importante ferramenta nos programas de melhoramento de espécies perenes e anuais. Um grande volume de informações pode ser derivada da análise de genomas. O uso e benefício de tais informações dependerá da base genética do programa de melhoramento.

BREEDING, GENETIC AND GENOMIC OF CITRUS FOR DISEASE RESISTANCE

Summary - Although the citriculture is one of the most important economic activities in Brazil, it is based on a small number of varieties. This fact has contributed for the vulnerability of the culture regarding the phytosanitary problems. A higher number of varieties/genotypes with potential for commercial growing, either for the industry or fresh market, has been one of the main objectives of citrus breeding programs. The genetic breeding of citrus has improved, in the last decades, due to the possibility of an association between biotechnological tools and classical methods of breeding. The use of molecular markers for early selection of zygotic seedlings from controlled crosses resulted in the possibility of selection of a high number of new combination and, as a consequence, the establishment of a great number of hybrids in field experiments. The faster new tools are incorporated in the program, the faster is possibility to reach new genotypes that can be tested as a new variety. Good traits should be kept or incorporate, whereas bad traits have to be excluded or minimized in the new genotype. Scion and rootstock can not be considered separately, and graft

¹ Centro de Citricultura Sylvio Moreira, Instituto Agronômico

compatibility, fruit quality and productivity are essential traits to be evaluated in the last stages of the program. The mapping of QTLs has favored breeding programs of several perennial species and in citrus it was possible to map several characteristics with qualitative and quantitative inheritance. The existence of linkage maps and QTLs already mapped, the development of EST and BAC library and the sequencing of the Citrus complete genome altogether make very demanding and urgent the exploration of such data to launch a wider genetic study of citrus. The rising of information on genome of several organisms has opened new approaches looking for integration between breeding, genetic and genome. Genome assisted selection (GAS) involves more than gene or complete genome sequencing and is becoming an import support in breeding programs of annual and perennial species. An huge information amount can be derivate from genome analysis. The use and benefit of such informations will depend on the genetic basis of the breeding program.