

Área Científica **Florestal**

Código PTDC/AGR-CFL/101707/2008 **Início** 2010/02/01 **Termo** 2013/07/31

Título Compreensão da Resistência a Fungos Patogénicos em Castanea sp

Programa

FCT

Medida

Projetos de I&D em todos os Domínios Científicos

Instituição Líder Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária

Investigador Responsável INIAV Rita Maria Lourenço da Costa

Orçamento Total 135 395,00€

Orçamento INIAV 81 815,00€

Parceria

INIAV	Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P.	Nacional
UTAD	Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro	Nacional
FFCUL	Fundação da Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa	Nacional
IPC	Instituto Politécnico de Coimbra	Nacional

Equipa

Rita Maria Lourenço da Costa
Carmen Sofia Pedro dos Santos

Resumo

O castanheiro Europeu cobre uma área total de 2.53 milhões de hectares, dos quais dois milhões correspondem a florestas em que é a espécie dominante, sendo a restante área de 0.53 milhões ocupada por povoamentos para produção de fruto (20.9% da área total de castanheiro). A produção de fruto diminuiu consideravelmente na Europa no século XX para 200,000t (com uma redução de cerca de 300 M€). Este declínio deveu-se principalmente a doenças provocadas por fungos e a mudanças verificadas na estrutura da sociedade. Perto do fim do século verificou-se um aumento acentuado na procura do castanheiro, que conduziu ao triplicar da área de plantação e à recuperação de novos soutos por toda a Europa. No entanto, a doença da tinta (*Phytophthora* spp.) e do cancro (*Cryphonectria parasitica* (Murrill) M.E. Barr.) representam ainda hoje as maiores ameaças para esta espécie. Na Europa, a cultura do castanheiro tem sido focada no melhoramento de cultivares, através de selecção e hibridação com espécies Asiáticas resistentes à doença da tinta. Foi obtido um considerável sucesso com esta abordagem, no entanto pouca informação existe no que respeita à base genética da resistência em castanheiro. O primeiro mapa genético construído em *Castanea* foi publicado em 1997 e foi baseado numa família híbrida obtida entre *C. mollissima* x *C. dentata* (1). Para *Castanea sativa* o primeiro mapa genético foi publicado em 2001 (2). O advento dos projectos de mapeamento genético tornou exequível mapear e caracterizar poligenes subjacentes a características quantitativas. Populações F1 inter-específicas de *Eucalyptus grandis* x *E. urophylla* foram usadas para detectar regiões genómicas que controlam a densidade da madeira, o crescimento e forma do fuste (3). Uma família F1 obtida entre *Poncirus trifoliata* e *Citrus sunki* foi utilizada na identificação de QTLs associados à resistência em *Citrus* a *Phytophthora gummosis* (4). A natureza dos cruzamentos entre estas espécies lenhosas torna possível que, pelo menos alguns genes que conferem resistência/tolerância, sejam segregados directamente na população F1 (T. Kubisiak, comunicação pessoal). Os diferentes estudos de mapeamento já realizados no género *Castanea* e na espécie *C. sativa*, estão relacionados com o mapeamento para a resistência ao cancro no castanheiro Americano e a identificação de QTLs para características adaptativas em *C. sativa*. Nada se sabe no que diz respeito às regiões genómicas que condicionam a resistência a *P. cinnamomi* em *C. sativa*. Neste contexto, pretendemos contribuir para a compreensão dos mecanismos de defesa da planta e identificar regiões genómicas envolvidas na resistência à tinta, uma vez que este constitui o factor chave para a protecção dos recursos genéticos de *C. sativa* na Europa. Com vista a atingir esse objectivo propomos aplicar a seguinte metodologia: (1) Construir mapas genéticos de ligação para o progenitor feminino *C. sativa* e dois progenitores masculinos, *C. mollissima* e *C. crenata*, com marcadores moleculares; (2) Infectar descendências destes pedigrees, propagadas clonalmente, com *P. cinnamomi* e avaliar as diferentes métricas de resistência; (3) Realizar as análises de associação, marcador:característica fenotípica, para identificar QTLs associados à métrica da doença referida anteriormente (4) Investigar se os polimorfismos identificados em alguns dos genes candidatos de resistência colocalizam em QTLs identificados nos mapas *C. sativa* x *C. crenata*, *C. sativa* x *C. mollissima* e *C. mollissima/C. dentata* (da equipa americana) (5) Identificar transcritos/ESTs diferencialmente expressos durante ensaios de inoculação com *P. cinnamomi* em indivíduos com vários níveis de tolerância ao fungo (6) Correlacionar o nosso mapa de ligação com os mapas de ligação de *C. mollissima* que têm vindo a ser criados, como parte da iniciativa de investigação dos Estados Unidos para melhor compreender a resistência de *Castanea* ao cancro do castanheiro causado por *C. parasitica* (7) Criar famílias F2 e de retrocruzamento, para estudos mais aprofundados da heritabilidade da resistência/tolerância à doença em *Castanea*. Está proposta única combina quatro instituições de investigação com conhecimento adquirido em melhoramento, genómica e fitopatologia de *C. sativa* e propagação vegetativa de espécies lenhosas. A equipa pretende trabalhar em estreita colaboração com investigadores Americanos, nomeadamente Dr. Thomas Kubisiak, geneticista que construiu o primeiro mapa genético para o género *Castanea*, que será consultor científico do projecto. A vasta experiência da equipa Americana em mapeamento e na identificação de loci de resistência ao cancro, conjugada com a experiência da equipa Portuguesa, relacionada com *C. sativa* e *P. cinnamomi* e considerando a disponibilidade de descendências dos cruzamentos SxC e SxM, constituem, em conjunto, factores determinantes que garantem que o projecto cumprirá o objectivo global de contribuir para a identificação de regiões genómicas associadas à resistência à doença da tinta em castanheiro Europeu.