vinetur

Estudo conclui que a previsão genómica baseada em ADN supera outras ferramentas em videiras jovens

Em 24 características, os modelos genómicos foram geralmente os mais precisos, atingindo um máximo de r=0,827, enquanto a combinação de várias ómicas trouxe pouco valor adicional

quarta-feira, 4 de novembro de 2026



Um novo estudo que comparou três formas de prever o desempenho de videiras jovens concluiu que a previsão genómica baseada em ADN foi mais precisa do que as abordagens metabolómica e espectroscópica na maioria das características analisadas, oferecendo aos melhoradores uma via mais clara para selecionar novas videiras numa fase mais precoce do processo de melhoramento.

A investigação, publicada na npj Science of Plants, analisou se os melhoradores podem acelerar o melhoramento da videira recorrendo a dados biológicos para prever características agronómicas antes de as videiras atingirem a plena produção. A questão é relevante numa cultura com ciclos geracionais longos, em que o melhoramento para resistência a doenças e adaptação climática pode demorar anos. Tem também implicações práticas para o vinho e outras bebidas à base de uva, uma vez que os programas de melhoramento têm de decidir onde investir se quiserem obter novas variedades capazes de manter a qualidade e, ao mesmo tempo, tolerar melhor o calor, a seca e a pressão das doenças.

Os investigadores compararam três abordagens numa população de melhoramento de videira biparental, fenotipada ao longo de 3 anos para 24 características agronómicas. Estas incluíam indicadores relacionados com o desenvolvimento, a fertilidade, a composição química das uvas e a produção. A equipa comparou a previsão genómica, baseada em 7.386 marcadores SNP, a previsão fenómica, baseada em espectroscopia de infravermelho próximo (NIRS), e a previsão metabolómica, baseada em cromatografia líquida-espectrometria de massa não direcionada (LC-MS). Foram também testados sete métodos estatísticos e várias estratégias de amostragem, incluindo tecidos lenhosos e folhas recolhidos em diferentes fases de crescimento na vinha e em estufa.

O resultado mais claro foi o melhor desempenho da previsão genómica. A sua capacidade preditiva máxima atingiu uma correlação de r=0,827 para o tempo térmico entre a floração e o pintor. Nas 24 características, a capacidade preditiva genómica média variou entre 0,375 com o LASSO e 0,473 com o rrBLUP, o que fez do rrBLUP o modelo com melhor desempenho médio neste grupo.

A previsão metabolómica ficou em segundo lugar. O seu melhor resultado para uma característica específica foi r=0,586 para o peso das uvas verdes, obtido com um modelo BLUP metabolómico que utilizou folhas da vinha recolhidas ao abrolhamento. A capacidade preditiva metabolómica média variou entre 0,350 com o Random Forest e 0,424 com o MBLUP. A previsão fenómica foi a mais fraca das três abordagens. O seu melhor resultado para uma única característica foi r=0,391 para a fertilidade primária, e a capacidade preditiva média variou entre 0,096 e 0,215, consoante o modelo utilizado.

Em termos práticos, o estudo identificou uma relação de compromisso entre custo e precisão. A previsão fenómica baseada em NIRS é mais barata e rápida de obter, mas o sinal preditivo foi frequentemente fraco. A previsão genómica foi mais fiável, enquanto a previsão metabolómica teve, por vezes, bons resultados em características específicas, mas implica custos analíticos mais elevados e trabalho laboratorial mais complexo.

Os dados subjacentes a estas diferenças ajudaram a explicar o desempenho desigual dos métodos. Os investigadores estimaram que proporção da variação em cada tipo de característica parecia ser genética, e não ruído residual. Os comprimentos de onda NIR revelaram baixa variância genotípica, com uma média de 2% e um máximo de 17%, e baixa herdabilidade, com uma média de 0,07 e um máximo de 0,46. As características metabolómicas apresentaram maior herdabilidade, com uma média de 0,25 e vários valores acima de 0,90. Isto sugere que, nos modelos utilizados no estudo, os dados metabolómicos captaram informação biológica mais estável relacionada com o genótipo do que os dados espectrais.

As condições de amostragem também foram relevantes. Na previsão fenómica, as folhas da vinha recolhidas na floração apresentaram a maior capacidade preditiva média ao nível da amostra, de 0,172, seguidas das folhas da vinha recolhidas ao abrolhamento, com 0,161. As folhas de estufa recolhidas na floração tiveram o pior resultado, de 0,088. Na previsão metabolómica, os melhores resultados médios foram obtidos combinando todas as categorias de amostragem em BLUPs por característica, que atingiram uma média de 0,421. Seguiram-se as folhas da vinha recolhidas ao abrolhamento, com 0,382, enquanto as folhas de estufa recolhidas na floração

voltaram a apresentar o resultado médio mais baixo, de 0,199.

O estudo avaliou também se as folhas recolhidas em estufa poderiam substituir as amostras da vinha. Para algumas características individuais, sim, mas os resultados foram inconsistentes. Na previsão fenómica, os espectros de estufa superaram os da vinha em características como o teor de açúcar das uvas e o peso dos cachos, enquanto os espectros da vinha foram melhores para a época do abrolhamento e alguns indicadores da composição química das uvas. Na previsão metabolómica, as folhas da vinha tiveram, em geral, melhores resultados do que as folhas de estufa, embora os dados da estufa também tenham fornecido sinais úteis para algumas características.

Ao comparar as três camadas ómicas no mesmo conjunto de 150 videiras selecionadas para a caracterização metabolómica, os investigadores concluíram que a previsão genómica teve o melhor desempenho na maioria das características, a previsão metabolómica ficou numa posição intermédia e a previsão fenómica apresentou os resultados mais baixos. A previsão metabolómica igualou ou superou a genómica num grupo restrito de características, incluindo o pH das uvas numa das fases, a fertilidade global, a qualidade do vingamento, o número de pâmpanos por planta, o peso fresco da poda por planta e o SPAD502, um indicador relacionado com a clorofila.

A equipa analisou também se a combinação de diferentes camadas de dados poderia melhorar os resultados. Em muitas áreas da biologia, as abordagens multi-ómicas são apresentadas como uma forma de captar melhor a complexidade subjacente a uma característica. Neste caso, os ganhos foram limitados. Os modelos que combinaram informação genómica, fenómica e metabolómica não apresentaram uma vantagem consistente em relação à previsão genómica isolada. Os modelos exclusivamente genómicos e os que incluíam dados genómicos integraram o grupo estatístico com melhor desempenho, mas a adição de dados fenómicos ou metabolómicos não melhorou sistematicamente os resultados. O artigo refere que não foram encontradas provas de que a integração multi-ómica tenha melhorado a capacidade preditiva de forma consistente com a dimensão da amostra utilizada.

Os resultados sustentam a seleção genómica como principal abordagem para os programas de melhoramento da videira que necessitam de uma triagem precoce fiável. Os autores afirmaram que as ferramentas metabolómicas ou fenómicas podem continuar a ter utilidade, mas sobretudo para características e estratégias de amostragem que revelem um sinal preditivo consistente. Isto poderá influenciar a forma como os programas públicos de melhoramento e os viveiros privados distribuem os seus recursos, à medida que procuram desenvolver novas videiras resistentes ao míldio e a outras doenças, que exijam menos tratamentos fungicidas e continuem produtivas em condições de cultivo mais quentes e variáveis.

A questão vai além dos viveiros. A videira está na base dos mercados do vinho, do sumo, das uvas de mesa e das uvas secas, e as decisões de melhoramento tomadas hoje podem determinar as variedades disponíveis para os produtores e fabricantes de bebidas daqui a vários anos. Se a previsão genómica continuar a oferecer o melhor retorno, os programas de melhoramento poderão tender a investir primeiro em dados densos de marcadores de ADN e a recorrer de forma mais seletiva à triagem metabolómica ou espectroscópica, sobretudo quando o objetivo for a resistência a doenças, a composição das uvas e a adaptação ao stress climático.