vinetur

Estudo de 206 clones de Riesling conclui que os dados epigenómicos explicam melhor as variações anuais

Ao longo de nove campanhas, perfis genómicos e epigenómicos captaram diferentes componentes do desempenho na vinha, mas o estudo ainda não foi revisto por pares

sábado, 7 de novembro de 2026



Investigadores que estudam videiras de Riesling encontraram indícios de que os dados genéticos e epigenéticos podem captar diferentes componentes das variações anuais do desempenho na vinha. Esta descoberta poderá, no futuro, ajudar melhoradores e viticultores a selecionar clones com um desempenho mais consistente perante condições em mudança.

O trabalho foi publicado num preprint divulgado na sexta-feira, 6 de novembro, no bioRxiv, e ainda não foi revisto por pares. O estudo foi liderado por cientistas da Hochschule Geisenheim University, na Alemanha, com a colaboração de investigadores da Austrália e da University of Hohenheim.

Os investigadores analisaram 206 clones de Riesling ao longo de nove campanhas de crescimento e examinaram características relacionadas tanto com a produção como com a qualidade do mosto. O estudo centrou-se na interação genótipo-ambiente, um problema de longa data nas culturas perenes, como a vinha. Na prática, esta interação significa que um clone com bom desempenho num ano pode não ocupar a mesma posição noutro, devido a alterações meteorológicas e a outras condições ambientais.

A equipa utilizou um método chamado UMR-seq, que permitiu gerar perfis genómicos e epigenómicos emparelhados a partir da mesma biblioteca de amostras. Os dados genómicos acompanharam diferenças na sequência de ADN, incluindo SNPs. Os dados epigenómicos centraram-se em regiões não metiladas, um sinal de metilação do ADN que pode refletir alterações na regulação genética sem modificar o próprio código genético.

Com estes conjuntos de dados emparelhados, os investigadores avaliaram em que medida cada camada de informação explicava as diferenças entre clones e as diferenças na forma como estes respondiam ao longo dos anos. De acordo com o preprint, quando os modelos estatísticos não tinham em conta explicitamente a interação genótipo-ambiente, os efeitos ambientais e residuais representavam a maior parte da variação nas características medidas, enquanto o efeito clonal principal era relativamente modesto. Nesse contexto, as relações genómicas explicaram a maior parte da variância clonal em quatro das cinco características estudadas, e a inclusão de uma matriz de relações epigenómicas pouco alterou os resultados.

O cenário mudou quando os investigadores modelaram de forma mais direta os efeitos da interação específicos de cada ano. Nessas análises, a camada epigenómica representou uma parte substancial da variância da interação genótipo-ambiente e contribuiu mais do que a camada genómica em quatro das cinco características, escreveram os autores. Isto sugere que o epigenoma poderá ser particularmente relevante para compreender por que motivo o mesmo clone pode comportar-se de forma diferente consoante a campanha.

O estudo concluiu também que as duas camadas de dados não mediam simplesmente o mesmo fenómeno de formas diferentes. Os autores referiram que as relações genómicas e epigenómicas captaram padrões distintos de reclassificação dos clones ao longo dos anos, o que significa que cada uma identificou alterações diferentes no desempenho relativo à medida que as condições mudavam de campanha para campanha. Ao representar as estimativas dos efeitos mais fortes em janelas genómicas, a equipa verificou que os sinais genómicos e epigenómicos mais intensos tendiam a localizar-se em regiões diferentes, com uma sobreposição não superior à que seria de esperar por acaso.

Os resultados não demonstram que os marcadores epigenéticos, por si só, possam prever um desempenho estável na vinha, e o preprint não apresenta uma ferramenta direta para selecionar clones. Ainda assim, os resultados apontam para uma possível forma de melhorar a seleção em culturas propagadas por clonagem, combinando informação genómica convencional com dados epigenómicos, sobretudo quando a variabilidade de ano para ano é uma preocupação importante.

Esta possibilidade é relevante para além da teoria do melhoramento vegetal. Na produção de vinho, as variações entre campanhas podem afetar tanto o rendimento das uvas como a composição do mosto, dois fatores que influenciam a oferta e a qualidade. Se trabalhos futuros confirmarem que os dados epigenómicos ajudam a identificar clones com um desempenho mais estável em condições variáveis, os melhoradores e os viveiros poderão vir a utilizar essa informação para orientar a escolha de clones destinados a vinhas expostas a condições meteorológicas instáveis. Qualquer aplicação deste tipo continua a ser provisória e terá de ser validada para além deste preprint.

O artigo enquadra os resultados no desafio mais vasto do melhoramento de culturas perenes. Como as videiras são propagadas por clonagem e permanecem no terreno durante muitos anos, as decisões de seleção podem ser dispendiosas e difíceis de reverter. Um clone que pareça promissor num ensaio limitado poderá não apresentar os mesmos resultados ao longo do tempo se o seu desempenho for muito sensível às condições anuais. Por esse motivo, compreender os fatores que determinam a estabilidade entre campanhas é uma questão central para a viticultura e o melhoramento da videira.

Os autores afirmaram que os resultados constituem uma base para investigar os mecanismos moleculares da interação genótipo-ambiente e para testar se a informação genómica e epigenómica pode melhorar a seleção de clones para ambientes variáveis. O estudo não esclarece até que ponto os sinais epigenómicos se mantêm ao longo do tempo nem em que medida os resultados se aplicam para além da Riesling, de um único local ou das características analisadas. Também não permite determinar se seriam observados padrões semelhantes noutras castas ou culturas perenes.

Ainda assim, o trabalho contribui para o crescente interesse em saber se a variação epigenética pode ajudar a explicar características agrícolas que os marcadores genéticos convencionais não captam totalmente. Neste caso, o principal sinal do preprint não é que a epigenómica tenha substituído a genómica, mas sim que as duas parecem descrever componentes diferentes do desempenho. As relações genómicas foram mais informativas para os efeitos clonais principais na maioria das características, enquanto as relações epigenómicas foram mais informativas para uma parte significativa do padrão de interação de ano para ano.

Como o artigo continua a ser um preprint, os métodos e a interpretação ainda não foram avaliados através de revisão por pares. Ainda assim, o conjunto de dados é invulgarmente abrangente para um estudo de clones de vinha: abrange 206 clones de Riesling ao longo de nove campanhas e oferece uma primeira perspetiva sobre a forma como medições genómicas e epigenómicas emparelhadas poderão ser utilizadas para estudar a instabilidade da produção vitícola ao longo do tempo.