

MELHORAMENTO DE PLANTAS- UMA REVISÃO



<https://doi.org/10.22533/at.ed.798112521036>

Data de aceite: 05/06/2025

Charlys Seixas Maia Dornelas

Aluno do Curso de Graduação em
Agronomia da UFPB/CCA

RESUMO: Este e-book, intitulado “Melhoramento de Plantas”, oferece uma jornada abrangente pelos princípios e métodos fundamentais utilizados para aprimorar geneticamente as culturas agrícolas. Iniciando pela crucial seleção de genitores, o texto explora os critérios que orientam a escolha dos reprodutores, como desempenho fenotípico, valor genético (VG) e herdabilidade. São abordados os métodos de seleção clássicos, como a seleção massal, a seleção por pedigree e a seleção baseada em famílias, e aprofunda-se nas modernas abordagens de seleção assistida por marcadores (SAM) e seleção genômica (SG), que revolucionaram a precisão e a velocidade do melhoramento. O e-book detalha os processos de hibridação, essencial para criar a variabilidade genética necessária. São apresentados os métodos de condução de populações segregantes, como o método da população (Bulk), o método genealógico e o método de uma única semente (SSD), cada um com

suas vantagens e desvantagens para diferentes contextos de melhoramento. Um capítulo dedicado ao método dos retrocruzamentos explica como uma ou poucas características desejáveis podem ser transferidas de um genitor doador para uma cultivar de elite, discutindo as nuances da transferência de alelos dominantes e recessivos e a otimização desse processo com SAM. Por fim, o e-book mergulha nas populações alógamas, esclarecendo sua estrutura, a importância da heterozigose e da variabilidade contínua. O Equilíbrio de Hardy-Weinberg é apresentado como uma ferramenta conceitual para entender a dinâmica das frequências alélicas e genotípicas. A relação vital entre endogamia e heterose (vigor híbrido) é detalhada, explicando como a endogamia, ao aumentar a homozigose, pode levar à depressão por endogamia, enquanto a heterose, resultante do cruzamento de linhagens distintas, é explorada na produção de híbridos de alta produtividade.

PALAVRAS-CHAVES: melhoramento de plantas; genética; seleção

ABSTRACT This e-book, titled “Plant Breeding”, offers a comprehensive journey through the fundamental principles and methods used for genetically improving agricultural crops. Starting with the crucial selection of parents, the text explores the criteria guiding the choice of reproducers, such as phenotypic performance, genetic value (GV), and heritability. It covers classic selection methods like mass selection, pedigree selection, and family-based selection, and delves into modern approaches of marker-assisted selection (MAS) and genomic selection (GS), which have revolutionized breeding precision and speed. The e-book details hybridization processes, essential for creating the necessary genetic variability. It presents methods for managing segregating populations, such as the Bulk method, the pedigree method, and the Single Seed Descent (SSD) method, each with its advantages and disadvantages for different breeding contexts. A dedicated chapter on the backcross method explains how one or a few desirable traits can be transferred from a donor parent to an elite cultivar, discussing the nuances of transferring dominant and recessive alleles and the optimization of this process with MAS. Finally, the e-book delves into allogamous populations, clarifying their structure, the importance of heterozygosity, and continuous variability. The Hardy-Weinberg Equilibrium is presented as a conceptual tool for understanding the dynamics of allele and genotype frequencies. The vital relationship between inbreeding and heterosis (hybrid vigor) is detailed, explaining how inbreeding, by increasing homozygosity, can lead to inbreeding depression, while heterosis, resulting from crossing distinct lines, is exploited in the production of high-yielding hybrids.

KEYWORDS: plant breeding; genetics; selection

MELHORAMENTO DE PLANTAS E SUA IMPORTÂNCIA

1. Introdução ao Melhoramento de Plantas

O melhoramento de plantas é uma área estratégica da agronomia e da biotecnologia, fundamental para o desenvolvimento de cultivares com características agronômicas e nutricionais superiores, garantindo a sustentabilidade da produção agrícola e a segurança alimentar global.

Desde do início da civilização, a humanidade tem praticado uma forma rudimentar de melhoramento, selecionando e propagando as plantas que apresentavam características mais desejáveis, como maior produtividade, sabor aprimorado ou resistência a intempéries (Harlan, 1992). Essa seleção empírica, iniciada há cerca de 10.000 anos, marcou a transição da coleta para o cultivo e pavimentou o caminho para o estabelecimento de assentamentos permanentes e o desenvolvimento de sociedades complexas. Contudo, o que antes era um processo intuitivo e lento, transformou-se, nos últimos séculos, em uma disciplina científica sofisticada, impulsionada pelos avanços na genética, biologia molecular e biotecnologia.

O objetivo primordial do melhoramento moderno é desenvolver cultivares (variedades cultivadas) com características aprimoradas para atender às crescentes demandas humanas e ambientais (Fehr, 1987). O escopo do melhoramento é vasto, abrangendo desde a criação de variedades com maior rendimento de grãos, frutos ou biomassa, até a incorporação de resistência a doenças e pragas, tolerância a estresses ambientais (como seca ou salinidade), melhoria da qualidade nutricional (biofortificação), e adaptação a diferentes sistemas de cultivo e condições climáticas.

É uma área dinâmica que se adapta continuamente aos novos desafios e às necessidades emergentes da agricultura global. O século XX testemunhou a ascensão do melhoramento de plantas como uma ciência aplicada de grande impacto, culminando na Revolução Verde. A partir da década de 1960, essa iniciativa utilizou intensivamente o melhoramento genético para desenvolver variedades de trigo, arroz e milho de alta produtividade, elevando significativamente a produção de alimentos em diversas partes do mundo e evitando fomes catastróficas (Borlaug, 2007). Essa revolução demonstrou o potencial transformador da ciência aplicada à agricultura para o enfrentamento de desafios globais de segurança alimentar.

2. A Importância do Melhoramento de Plantas

A importância do melhoramento de plantas é ampla e estende-se por dimensões que vão desde a segurança alimentar e nutricional até a sustentabilidade ambiental e a resiliência dos sistemas agrícolas em um mundo em constante mudança. Atualmente, a demanda por alimentos continua a crescer exponencialmente, impulsionada pelo aumento populacional global, pela urbanização e pela mudança nos padrões de consumo. Nesse cenário, o melhoramento de plantas assume um papel ainda mais crítico. Ele permite o desenvolvimento de variedades com maior produtividade, o que é vital para produzir mais alimentos com menos recursos naturais, otimizando o uso da terra, da água e da energia (Godfray et al., 2010). Além disso, a pesquisa em melhoramento busca incessantemente aprimorar a eficiência no uso de nutrientes, como nitrogênio e fósforo. Isso reduz a necessidade de fertilizantes químicos, minimizando o impacto ambiental da agricultura, como a eutrofização de corpos d'água e as emissões de gases de efeito estufa associadas à produção e aplicação de fertilizantes. A resistência a estresses bióticos e abióticos é outra vertente fundamental.

O desenvolvimento de cultivares geneticamente resistentes a pragas (como insetos-praga e nematóides) e doenças (causadas por fungos, bactérias, vírus e oomicetos) diminui drasticamente a dependência de defensivos agrícolas. Essa redução no uso de agrotóxicos promove uma agricultura mais sustentável, com menor impacto ambiental na biodiversidade e na saúde humana. Da mesma forma, a tolerância a estresses abióticos, como a seca prolongada, a salinidade do solo, temperaturas extremas (tanto altas quanto baixas) e a acidez do solo, é indispensável para garantir a estabilidade da produção em regiões com condições desfavoráveis e para enfrentar os desafios das alterações climáticas globais.

Além da quantidade produzida, a qualidade nutricional dos alimentos é uma preocupação crescente para a saúde pública. O melhoramento de plantas tem sido aplicado ativamente no desenvolvimento de culturas biofortificadas, ou seja, variedades com teores elevados de vitaminas, minerais e outros compostos bioativos essenciais para a saúde humana. Exemplos notáveis incluem o arroz dourado, enriquecido com provitamina A (beta-caroteno), essencial para a visão e o sistema imunológico, e variedades de milho com maior teor de lisina e triptofano, aminoácidos essenciais frequentemente limitantes em dietas baseadas em cereais. Essa abordagem visa combater a “fome oculta”, uma forma de desnutrição que afeta bilhões de pessoas globalmente, caracterizada pela deficiência de micronutrientes, mesmo que a ingestão calórica seja adequada.

As mudanças climáticas representam um dos maiores desafios para a agricultura do século XXI. O melhoramento de plantas é uma ferramenta indispensável para a adaptação das culturas a novos regimes de temperatura, padrões de chuva irregulares e aumento da concentração de CO₂ na atmosfera. Isso inclui o desenvolvimento de variedades com ciclos de vida mais curtos para escapar de períodos de seca, maior plasticidade fenotípica para se adaptar a ambientes variáveis, e maior eficiência fotossintética sob condições de estresse. O melhoramento trabalha para construir a resiliência dos sistemas agrícolas, garantindo que as culturas possam prosperar em um clima em evolução.

Além dos benefícios agrônômicos e ambientais, o melhoramento de plantas tem um impacto econômico e social significativo. Novas variedades com maior produtividade e resistência reduzem os custos de produção para os agricultores, aumentam a rentabilidade e melhoram a segurança econômica das famílias rurais. A disponibilidade de alimentos mais nutritivos e acessíveis contribui para a saúde pública e o bem-estar social, especialmente em países em desenvolvimento. O melhoramento também impulsiona a inovação e a criação de empregos em pesquisa, desenvolvimento, produção de sementes e indústrias relacionadas, contribuindo para o desenvolvimento econômico de nações.

3. Metodologias e Avanços Tecnológicos no Melhoramento

O melhoramento de plantas tem evoluído de métodos empíricos para abordagens altamente sofisticadas, integrando diversas tecnologias. O melhoramento clássico, ou convencional, baseia-se nos princípios da genética mendeliana e utiliza técnicas de cruzamento e seleção para combinar e fixar características desejáveis (Allard, 1999). A seleção é o processo de identificar e propagar indivíduos com características superiores, enquanto os cruzamentos dirigidos são realizados entre parentais com características complementares, visando combinar os melhores atributos de cada um em uma nova progênie. A hibridação e o fenômeno da heterose (vigor híbrido), onde o desempenho do híbrido F₁ é superior ao de seus parentais, têm sido um dos maiores sucessos do melhoramento convencional em muitas culturas, como o milho (Duvick, 2001). A biotecnologia vegetal trouxe ferramentas que complementam e aceleram o melhoramento clássico.

A cultura de tecidos permite a regeneração de plantas a partir de células ou tecidos, sendo útil para a propagação rápida de genótipos elite. A técnica de duplos haploides (DH) é particularmente revolucionária, pois permite obter linhagens completamente homozigotas em apenas uma ou duas gerações, acelerando drasticamente o tempo necessário para desenvolver novas variedades. A seleção assistida por marcadores moleculares (MAS) utiliza marcadores de DNA para identificar plantas que possuem genes de interesse em estágios iniciais de desenvolvimento, independentemente da manifestação fenotípica, tornando a seleção mais eficiente, precisa e rápida (Collard & Mackill, 2008). A MAS tem sido amplamente aplicada no melhoramento de resistência a doenças e tolerância a estresses.

A engenharia genética, ou transgenia, permite a introdução de genes de outras espécies (ou genes modificados da mesma espécie) em uma planta, conferindo-lhe novas características que não poderiam ser obtidas por cruzamentos convencionais (James, 2018). Exemplos notáveis incluem a resistência a herbicidas e a resistência a insetos, que transformaram a produtividade e o manejo de pragas em diversas culturas. Mais recentemente, a edição gênica, especialmente com o advento do sistema CRISPR-Cas9, representa um avanço revolucionário no melhoramento de plantas (Doudna & Charpentier, 2014). Diferente da transgenia, que insere genes de outras espécies, a edição gênica permite modificações precisas no genoma da própria planta, como a inserção, deleção ou substituição de nucleotídeos específicos. Isso possibilita a criação de características desejáveis de forma mais direcionada e sem a introdução de DNA exógeno, o que tem implicações importantes para a regulamentação e a aceitação pública.

A edição gênica está sendo utilizada para desenvolver resistência a doenças, tolerância a estresses, e para melhorar a qualidade nutricional e características agrônomicas com uma precisão sem precedentes. Além disso, a fenotipagem de alta performance utiliza tecnologias avançadas, como sensores, robótica e inteligência artificial, para medir características das plantas de forma rápida e não destrutiva em grande escala. Combinada com a análise de “big data” gerada por sequenciamento genômico e dados de campo, a fenotipagem de alta performance permite aos melhoristas identificar genótipos superiores com maior eficiência, acelerando o ciclo de seleção e o desenvolvimento de novas variedades.

4. Desafios Atuais e Perspectivas Futuras

Apesar dos avanços notáveis, o melhoramento de plantas enfrenta desafios complexos e possui perspectivas futuras promissoras. A complexidade genética e fenotípica de muitas características agrônomicas importantes, como rendimento e tolerância a estresses, que são controladas por múltiplos genes e interagem complexamente com o ambiente, continua sendo um desafio para os melhoristas (Bernardo, 2010). Desvendar essa complexidade exige a integração de abordagens genômicas, fenômicas e de bioinformática.

A aceitação pública e as questões regulatórias em torno das novas tecnologias, como a engenharia genética e, em menor grau, a edição gênica, continuam sendo um desafio em algumas regiões, devido a preocupações com segurança alimentar e impactos ambientais (Wesseler, 2020). As questões regulatórias também variam significativamente entre os países, criando barreiras para a adoção e comercialização de novas variedades. A conservação da biodiversidade e dos recursos genéticos vegetais (germoplasma) em bancos de genes é fundamental para garantir a disponibilidade de variabilidade genética para o melhoramento futuro, visto que a base genética da agricultura global tem se estreitado com a adoção de poucas variedades de alta produtividade (Fowler & Mooney, 1990).

O futuro do melhoramento de plantas reside na integração sinérgica de todas as metodologias disponíveis como o melhoramento clássico às mais avançadas ferramentas biotecnológicas, genômicas e de inteligência artificial. O melhoramento de precisão visa utilizar todas essas informações para realizar seleções mais direcionadas e eficientes, acelerando o desenvolvimento de variedades sob medida para ambientes específicos e demandas de mercado.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Finalmente, o melhoramento será um pilar fundamental da Agricultura 4.0, que integra tecnologias digitais, automação, inteligência artificial e análise de dados para otimizar a produção. Variedades melhoradas serão projetadas para interagir de forma otimizada com sistemas de agricultura de precisão, sensores inteligentes e robótica, maximizando a eficiência e a sustentabilidade. Em síntese, o melhoramento de plantas não é apenas uma disciplina acadêmica, mas uma força motriz para a segurança alimentar global, a sustentabilidade ambiental, a adaptação às mudanças climáticas e o desenvolvimento socioeconômico. Sua importância reside na capacidade contínua de adaptar as culturas às crescentes demandas da população mundial, aos desafios impostos por um ambiente em constante mudança e à imperativa necessidade de uma agricultura mais eficiente, resiliente e benéfica para o planeta e para a humanidade. O investimento contínuo e estratégico em pesquisa e desenvolvimento nesta área é crucial para assegurar um futuro alimentar seguro, nutritivo e próspero para toda a humanidade, enfrentando os desafios do século XXI com soluções baseadas na ciência e na inovação.

PLANEJAMENTO DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO

O planejamento de um programa de melhoramento de plantas é uma etapa crucial e intrinsecamente complexa, que precede e direciona todas as atividades subsequentes de seleção e cruzamento. Longe de ser um processo linear, o planejamento exige uma abordagem estratégica, iterativa e variada, considerando uma vasta gama de fatores que vão desde os objetivos agronômicos e as demandas de mercado até a disponibilidade de

recursos, as tecnologias mais recentes e as implicações ambientais e sociais (Cobb et al., 2019). Um planejamento deficiente pode resultar em um desperdício significativo de tempo, investimentos e recursos, enquanto um plano bem elaborado maximiza a probabilidade de desenvolver cultivares superiores que não apenas atendam às necessidades imediatas dos agricultores e consumidores, mas que também contribuam para a segurança alimentar sustentável a longo prazo.

A primeira e mais crítica fase no planejamento de um programa de melhoramento é a definição clara, concisa e precisa dos objetivos de melhoramento. Esses objetivos não podem ser genéricos ou vagos; eles devem ser específicos, mensuráveis, atingíveis, relevantes e com prazo definido. É fundamental identificar as características desejáveis que a nova cultivar deve possuir, as quais podem ser diversas e complementares. Isso inclui o aumento de produtividade (rendimento de grãos, frutos, biomassa), a incorporação de resistência a doenças específicas (causadas por fungos, bactérias, vírus) e a pragas (insetos, nematóides), a tolerância a estresses abióticos (como seca, salinidade, temperaturas extremas, baixa fertilidade do solo), a melhoria da qualidade nutricional (biofortificação com vitaminas, minerais, aminoácidos) ou industrial (teor de óleo, proteína, amido), e a adaptação a diferentes sistemas de manejo, incluindo agricultura de baixo impacto ambiental ou orgânica (Ahmad et al., 2020). Essa definição deve ser baseada em uma análise aprofundada das necessidades do mercado global e local, das demandas e desafios enfrentados pelos agricultores em diversas regiões, das tendências climáticas emergentes e das pressões evolutivas de pragas e doenças. Por exemplo, em regiões com escassez hídrica crescente, a tolerância à seca se torna um objetivo prioritário, enquanto em áreas com alta incidência de ferrugem, a resistência a essa doença é imperativa. A consulta e o engajamento ativo com diversos *stakeholders*, como produtores rurais, associações agrícolas, a indústria de alimentos e rações, pesquisadores de outras áreas (fitopatologistas, entomologistas), extensionistas e até mesmo consumidores, são vitais para assegurar que os objetivos do programa reflitam as prioridades reais do sistema de produção e da cadeia de valor agroalimentar. A priorização de traços é um exercício complexo que muitas vezes envolve ponderar ganhos genéticos potenciais, custo-benefício e impacto social.

Uma vez que os objetivos estão claramente delineados, o próximo passo essencial envolve a seleção, aquisição e gestão de germoplasma adequado, que constitui a base genética e a fonte de variação sobre a qual o melhorista irá trabalhar. A diversidade genética é o motor primordial do melhoramento; sem ela, não há possibilidade de progresso genético sustentável. O programa deve identificar e acessar fontes de genes para as características desejadas. Essas fontes podem ser variadas, incluindo variedades comerciais existentes (para utilizar características de desempenho já comprovadas), linhagens experimentais avançadas de outros programas (para incorporar traits específicos), acessos de bancos de germoplasma (que conservam a diversidade genética de espécies cultivadas e seus

parentes selvagens), e até mesmo populações selvagens relacionadas à espécie cultivada, para resgatar genes de resistência ou tolerância perdidos durante a domesticação) (Dwivedi et al., 2016). A estratégia de germoplasma deve equilibrar a necessidade de introduzir nova variabilidade genética para alcançar os objetivos desejados com a de manter e preservar as características agrônômicas desejáveis já presentes em materiais adaptados às condições locais. A conservação *ex situ* em bancos de germoplasma e *in situ* em campos de agricultores e áreas selvagens, bem como a legislação sobre acesso e repartição de benefícios, são aspectos críticos para a sustentabilidade de longo prazo de qualquer programa de melhoramento e para a segurança alimentar global.

A escolha da metodologia de melhoramento é outro pilar fundamental do planejamento. Esta decisão é influenciada diretamente pelos objetivos específicos do programa, pela biologia reprodutiva da cultura (por exemplo, espécies autógamas, alógamas, ou com propagação vegetativa), pelos recursos tecnológicos e financeiros disponíveis, e pela escala do programa. O melhoramento pode empregar técnicas clássicas, que têm sido a base do progresso agrícola por décadas, como a seleção massal, seleção genealógica, seleção recorrente ou a formação de híbridos. A hibridação e o fenômeno da heterose (vigor híbrido), onde o desempenho do híbrido F1 é superior ao de seus parentais, têm sido um dos maiores sucessos do melhoramento convencional em muitas culturas importantes, como o milho (Duvick, 2001). Complementarmente, ou em combinação, métodos mais modernos e avançados podem ser incorporados. A seleção assistida por marcadores moleculares (MAS) utiliza marcadores de DNA — sequências específicas de DNA associadas a genes de interesse — para identificar e selecionar rapidamente plantas que possuem essas características desejáveis em estágios iniciais de desenvolvimento, independentemente da manifestação fenotípica no campo (Collard & Mackill, 2008; Varshney et al., 2005). Isso acelera o ciclo de seleção e aumenta a precisão, especialmente para características complexas ou aquelas que se manifestam tardiamente na vida da planta. A engenharia genética (transgenia), que envolve a introdução de genes de outras espécies, e a edição gênica (CRISPR-Cas), que permite modificações precisas no genoma da própria planta, oferecem ferramentas poderosas para introduzir ou aprimorar características específicas, como resistência a pragas, tolerância a herbicidas, ou para modificar a qualidade nutricional e características agrônômicas (Jaganathan et al., 2018; Xu et al., 2017; Doudna & Charpentier, 2014). O planejamento deve avaliar cuidadosamente a viabilidade técnica, as implicações regulatórias e a aceitação social da adoção dessas tecnologias. A escolha da metodologia é uma decisão estratégica que deve otimizar o progresso genético por unidade de tempo e custo.

A estratégia de seleção e avaliação deve ser meticulosamente delineada para garantir a identificação eficaz dos indivíduos e linhagens superiores. Isso inclui a definição do tamanho das populações a serem avaliadas em cada geração, o número de gerações de seleção, os critérios para descarte e seleção de indivíduos, e a organização dos ensaios

de campo. A fenotipagem de alta performance (high-throughput phenotyping), que emprega tecnologias avançadas como sensores, robótica, veículos aéreos não tripulados (drones) e inteligência artificial para medir características das plantas de forma rápida, não destrutiva e em grande escala, é crucial para otimizar o processo de seleção em programas modernos (Furbank & Tester, 2011). A combinação da fenotipagem de alta performance com dados genômicos e ferramentas de bioinformática permite a aplicação de estratégias avançadas como a seleção genômica. A seleção genômica utiliza modelos preditivos baseados em informações genômicas de populações de referência e dados fenotípicos históricos para prever o valor genético de indivíduos ainda não fenotipados, permitindo a seleção em estágios muito precoces e acelerando significativamente os ciclos de melhoramento (Crossa et al., 2017).

O planejamento deve também considerar a complexa interação genótipo-ambiente (GxE), projetando ensaios multi-locais e multi-anuais em uma gama de ambientes-alvo para identificar genótipos que apresentem desempenho estável e superior em diversas condições, o que é fundamental para a ampla adaptabilidade de uma cultivar.

A alocação de recursos é um componente prático, mas absolutamente essencial para o sucesso de qualquer programa de melhoramento. Isso inclui a estimativa precisa e a garantia de recursos financeiros para pesquisa e desenvolvimento, recursos humanos (melhoristas, geneticistas, estatísticos, bioinformacionistas, técnicos de campo), infraestrutura (laboratórios, casas de vegetação, áreas de campo experimentais, equipamentos de alta tecnologia) e, crucialmente, o tempo. Um programa de melhoramento é, por natureza, um investimento de longo prazo, e o planejamento deve prever as fases de pesquisa, desenvolvimento e avaliação, que podem se estender por anos ou até décadas. A otimização do uso dos recursos disponíveis, priorizando as atividades de maior impacto no progresso genético e buscando colaborações estratégicas com outras instituições de pesquisa, universidades ou empresas do setor, é fundamental para a eficiência e o sucesso.

Finalmente, o planejamento deve contemplar a disseminação e o lançamento de cultivares. Não basta apenas desenvolver uma cultivar geneticamente superior; é imperativo que ela chegue efetivamente às mãos dos agricultores e seja adotada em larga escala para que seus benefícios se concretizem. Isso envolve estratégias para a produção de sementes ou material propagativo em escala comercial, o estabelecimento de canais de distribuição eficientes, e a comunicação clara dos benefícios e do manejo agrônomo adequado da nova variedade para os produtores. Aspectos regulatórios, como o registro da cultivar, a proteção da propriedade intelectual (via leis de proteção de cultivares ou patentes) e a conformidade com as normas de biossegurança (especialmente para variedades geneticamente modificadas ou editadas), também fazem parte integrante do planejamento e devem ser antecipados. Um programa de melhoramento eficaz não é um fim em si mesmo, mas um meio poderoso para promover o desenvolvimento agrícola, a segurança alimentar e a resiliência dos sistemas de produção em um cenário global dinâmico.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O planejamento do programa de melhoramento de plantas é um processo dinâmico, estratégico e multifacetado, que envolve a definição clara e ambiciosa de objetivos, a gestão eficiente da diversidade genética e do germoplasma, a escolha e a integração de metodologias apropriadas (do melhoramento clássico às mais avançadas ferramentas biotecnológicas e genômicas), a implementação de estratégias robustas de seleção e avaliação, a alocação inteligente e otimizada de recursos, e a formulação de um plano eficaz para a liberação e disseminação das cultivares. É um ciclo contínuo de aprendizado, refinamento e adaptação, onde a integração de novas tecnologias, a análise de dados complexos (Big Data, inteligência artificial) e a colaboração interdisciplinar são cada vez mais importantes para acelerar o progresso genético e enfrentar os desafios complexos da agricultura moderna e futura (Cobb et al., 2019; Dwivedi et al., 2016; Tester & Langridge, 2010). A capacidade de prever tendências, adaptar-se a novas ferramentas e responder rapidamente às necessidades do campo definirá os programas de melhoramento bem-sucedidos do século XXI.

ORIGEM DAS ESPÉCIES CULTIVADAS

A jornada da humanidade está intrinsecamente ligada à história das espécies cultivadas, uma narrativa que se desenrola desde os tempos imemoriais, quando a humanidade ainda dependia da coleta e da caça para sobreviver. A transformação de plantas selvagens em culturas domesticadas não foi um evento singular, mas um processo complexo, gradual e muitas vezes multifocal, que moldou civilizações e redefiniu a relação do *Homo sapiens* com a natureza.

A alvorada da agricultura, que remonta a aproximadamente 10.000, marcou uma das mais profundas revoluções na história humana, o Neolítico. Em vez de simplesmente buscar o alimento em seu ambiente natural, grupos humanos começaram a intervir no ciclo de vida das plantas, selecionando aquelas que mostravam características desejáveis e reproduzindo-as intencionalmente. Essa intervenção, embora inicialmente inconsciente, foi a força motriz por trás do processo de domesticação (Harlan, 1992). Diferentemente de uma invenção instantânea, a domesticação foi um processo co-evolutivo, uma dança lenta e persistente entre humanos e plantas, onde cada parte influenciava a outra. Os humanos selecionavam as plantas mais produtivas ou mais fáceis de colher, e as plantas, por sua vez, respondiam a essa pressão seletiva, tornando-se mais dependentes da intervenção humana para sua sobrevivência e reprodução.

Os traços mais marcantes da domesticação das plantas são as chamadas “síndromes de domesticação”. Estas incluem um conjunto de características fenotípicas que distinguem as plantas cultivadas de seus ancestrais selvagens. Entre as mais notáveis estão a não-deiscência, ou seja, a perda da capacidade de dispersão natural das sementes, o que facilita a colheita pelo agricultor, mas inviabiliza a sobrevivência da planta sem intervenção

humana. Outras síndromes frequentemente observadas incluem o aumento do tamanho dos frutos, sementes ou órgãos de armazenamento (como tubérculos), a redução ou eliminação de dormência das sementes para germinação uniforme e rápida, a perda de toxicidade ou de espinhos e defesas físicas, e a sincronização da maturação (Meyer & Purugganan, 2013). Essas alterações são o resultado de mutações genéticas espontâneas que foram favorecidas e fixadas pela seleção artificial humana ao longo de inúmeras gerações. O fato de muitas culturas terem desenvolvido síndromes de domesticação semelhantes, mesmo em diferentes continentes e com ancestrais distintos, sugere um processo de evolução paralela ou convergente impulsionado por pressões seletivas humanas consistentes (Fuller et al., 2014).

A compreensão dos centros de origem da domesticação é crucial para entender a distribuição e diversidade das culturas. Geograficamente, a agricultura não surgiu em um único ponto, mas em múltiplas regiões do globo, de forma independente e em diferentes momentos. Os principais centros de origem, ou “centros de diversidade” (termo cunhado por Vavilov, um dos pioneiros no estudo da origem das culturas), incluem o Crescente Fértil no Oriente Médio (trigo, cevada, ervilha, lentilha), o Extremo Oriente (arroz, soja, milheto), a Mesoamérica (milho, feijão, abóbora), os Andes (batata, quinua, feijão), a África (sorgo, milheto, inhame) e o Leste da América do Norte (girassol, *chenopódio*) (Purugganan & Fuller, 2009). Cada um desses centros foi um berço de domesticação de diversas culturas, e a dispersão dessas plantas para outras regiões do mundo, através de migrações humanas e comércio, disseminou a prática agrícola e os alimentos que hoje são a base da dieta global. A complexidade dessas origens é fascinante, revelando uma teia intrincada de interações entre genomas, ambientes e culturas humanas.

Em um nível molecular, a domesticação de plantas envolveu mudanças genéticas substanciais, muitas vezes resultado da seleção em genes específicos que controlam os traços da síndrome de domesticação. A pesquisa genômica e molecular moderna tem permitido identificar os “genes de domesticação”, loci genéticos específicos que foram alvo de seleção intensa durante o processo. Por exemplo, em culturas como o milho (*Zea mays*), a transição do teosinto selvagem para o milho cultivado envolveu mudanças em apenas alguns genes-chave, como o *teosinte branched1* (*tb1*), que controla a arquitetura da planta, e o *tga1*, associado à casca do grão (Doebley et al., 2006). Similarmente, no arroz (*Oryza sativa*), genes como o *sh4* (para não-deiscência) e o *Rc* (para a cor do pericarpo) foram identificados como cruciais no processo de domesticação (Gross & Olsen, 2010). Essas descobertas revelam a notável eficiência da seleção artificial, que, ao atuar sobre um número relativamente pequeno de genes, conseguiu transformar drasticamente as plantas selvagens em suas formas cultivadas. A compreensão desses mecanismos moleculares é fundamental para o melhoramento moderno, pois permite aos melhoristas replicar e acelerar processos que levaram milênios para ocorrer naturalmente.

A domesticação não foi um evento único e uniforme, mas um processo contínuo que, em alguns casos, ainda está em andamento. Muitas culturas passaram por múltiplas ondas de seleção e melhoramento, incluindo a diversificação em ecótipos locais, a seleção para características específicas em diferentes regiões e, mais recentemente, o melhoramento científico intensivo. O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*), por exemplo, apresenta evidências de múltiplos eventos de domesticação independentes na Mesoamérica e nos Andes, com a formação de diferentes pools genéticos que se adaptaram a distintas condições ambientais e preferências culturais (Gepts et al., 2008). Essas histórias de domesticação complexas ressaltam a profunda interconexão entre a evolução da planta, a cultura humana e o ambiente.



Figura 1. Ancestral selvagem do milho (teosinto), à esquerda e pé milho, à direita.

Os avanços na genética molecular e na bioinformática têm revolucionado o estudo da origem das espécies cultivadas. Técnicas de sequenciamento de DNA de alto rendimento permitem comparar os genomas de espécies cultivadas com seus ancestrais selvagens e parentes próximos em uma escala sem precedentes. Essa abordagem “paleogenômica” e “arqueogenômica” tem fornecido insights sobre a cronologia da domesticação, o número de eventos de domesticação, as rotas de dispersão das culturas e os genes que foram alterados durante o processo (Allaby et al., 2017). A capacidade de decifrar o “código genético” da domesticação não apenas aprofunda nossa compreensão da história da agricultura, mas também oferece ferramentas valiosas para o melhoramento moderno. Ao identificar os genes responsáveis por características agrônômicas desejáveis nas populações ancestrais, os melhoristas podem reintroduzir a variabilidade genética perdida durante os “gargalos de domesticação” (períodos de intensa seleção que reduzem a diversidade genética), revitalizando pools genéticos e acelerando o progresso genético (Meyer & Purugganan, 2013).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A origem das espécies cultivadas é, portanto, uma história de transformação e adaptação. É a história de como a engenhosidade humana, aliada à plasticidade genética das plantas, convergiu para criar os sistemas agrícolas que sustentam a vida moderna. Compreender essa origem não é apenas uma questão de curiosidade histórica, mas uma base essencial para o futuro do melhoramento de plantas, permitindo que os melhoristas utilizem a sabedoria da evolução natural e da seleção milenar para enfrentar os desafios da segurança alimentar e da sustentabilidade em um mundo em constante mudança. O vasto reservatório de diversidade genética ainda presente em espécies selvagens e em variedades tradicionais de cultivares é um tesouro inestimável, um legado dos nossos ancestrais, e a chave para desbloquear novas soluções para as gerações futuras.

SISTEMAS REPRODUTIVOS EM PLANTAS

A diversidade nos sistemas reprodutivos das plantas é uma das características mais fascinantes e determinantes para o sucesso do melhoramento genético. A maneira como uma planta se reproduz, seja por meio de gametas e fertilização ou por processos assexuais que geram clones, influencia diretamente a variabilidade genética disponível, a herança de características, a estrutura populacional e, conseqüentemente, as estratégias e a eficácia de um programa de melhoramento (Richards, 1997). Compreender esses mecanismos é fundamental para qualquer melhorista que aspire a manipular o genoma vegetal em prol da produtividade e da adaptação.

1. Reprodução Sexual

A reprodução sexual em plantas é um processo notável de combinação genética, que envolve a formação e a fusão de gametas para produzir uma nova prole com uma constituição genética única, diferente de seus parentais. É o principal motor da variabilidade genética dentro das espécies, essencial para a adaptação e evolução em ambientes dinâmicos. Essa modalidade é caracterizada pela meiose, que gera células haploides (gametas masculinos nos grãos de pólen e gametas femininos nos óvulos), e pela fertilização, a fusão dessas células para formar um zigoto diploide, que se desenvolverá em um embrião e, eventualmente, em uma nova planta (Barrett, 2002; Acquaah, 2012).

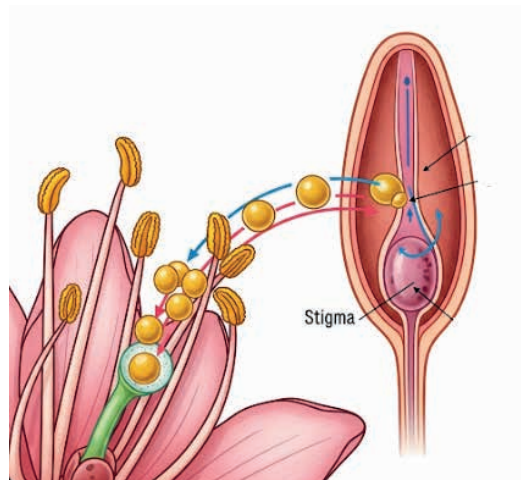


Figura 2. Reprodução Sexuada em Angiospermas.

Dentro da reprodução sexual, as plantas exibem uma rica tapeçaria de estratégias que determinam o grau de endogamia (autopolinização) ou exogamia (polinização cruzada). A alogamia, ou polinização cruzada, ocorre quando o pólen de uma planta fertiliza o óvulo de outra. Isso pode ser promovido por diversos mecanismos, como a dioicia (plantas com flores masculinas e femininas em indivíduos separados, como o mamão e o espinafre), a monoicia (flores masculinas e femininas separadas, mas no mesmo indivíduo, como o milho), a autoincompatibilidade (incapacidade de uma planta de ser fertilizada pelo seu próprio pólen, comum em muitas espécies frutíferas e forrageiras), e a heterostilia (diferenças morfológicas nas flores que promovem a polinização cruzada). Culturas alógamas, como o milho, o girassol e muitas forrageiras, caracterizam-se por populações geneticamente mais heterogêneas e heterozigotas. Essa heterozigosidade favorece a expressão de vigor híbrido (heterose), que é o desempenho superior de um híbrido F1 em relação aos seus parentais (Duvick, 2001). A contínua recombinação genética em populações alógamas é uma fonte inesgotável de novas combinações de genes, um tesouro para o melhorista que busca variabilidade para a seleção.

Em contraste, a autogamia, ou autopolinização, é o processo pelo qual uma planta é fertilizada pelo seu próprio pólen. Isso é comum em culturas como o trigo, a cevada, o arroz e o feijão. Mecanismos que promovem a autogamia incluem a cleistogamia (flores que permanecem fechadas e se autopolinizam, como algumas variedades de cevada) e a homogamia (maturação simultânea de estames e pistilos). A autogamia leva a um aumento rápido da homozigose e à formação de populações geneticamente mais uniformes e homozigotas, conhecidas como linhagens puras. A variabilidade, nessas espécies, é gerada principalmente por cruzamentos controlados entre linhagens distintas, seguidos de sucessivas gerações de autopolinização para fixar as novas combinações de genes (Sleper & Poehlman, 2006). A estabilidade genética das linhagens autógamas facilita a manutenção das características selecionadas ao longo das gerações.

2. Reprodução Assexual

A reprodução assexual, por outro lado, é um processo pelo qual as plantas produzem descendentes geneticamente idênticos ao parental, sem a fusão de gametas ou meiose, resultando na formação de clones. Essa modalidade é fundamental para a manutenção da uniformidade genética e para a propagação de genótipos de elite que não podem ser facilmente reproduzidos por sementes ou que precisam manter uma exata combinação de características.

Existem diversas formas de reprodução assexual. A propagação vegetativa natural ocorre por meio de estruturas especializadas como estolões (morangueiro), rizomas (gramas, gengibre), tubérculos (batata), bulbos (cebola) e cormos. Essas estruturas permitem que a planta se espalhe e forme novas plantas independentes que são clones da planta-mãe. A propagação vegetativa artificial é amplamente utilizada em programas de melhoramento e na horticultura comercial, incluindo técnicas como estaquia (corte de ramos que enraízam), enxertia (união de duas partes de plantas para crescerem como uma só, comum em frutíferas), e a micropropagação (cultura de tecidos *in vitro*), que permite a produção em massa de clones a partir de pequenas partes da planta, como meristemas ou calos (Acquaah, 2012). A micropropagação é particularmente útil para a eliminação de vírus e para a conservação de germoplasma em culturas de propagação vegetativa.



Figura 2. Reprodução Assexuada em plantas

Uma forma especializada e de grande interesse no melhoramento é a apomixia. A apomixia é uma reprodução assexual que ocorre via semente, onde o embrião se desenvolve sem a fertilização do óvulo e sem a redução meiótica do número de cromossomos (partenogênese). Em outras palavras, a semente produz uma planta que é um clone genético da planta-mãe (Hojsgaard & Hörandl, 2019; Gustafsson, 1946). A apomixia pode ser gametofítica (com a formação de um saco embrionário diploide) ou adventícia (com o desenvolvimento do embrião diretamente de uma célula somática da nucela). A capacidade de fixar permanentemente a

heterose em híbridos de primeira geração seria um avanço revolucionário para o melhoramento, especialmente em culturas alógamas, pois eliminaria a necessidade de produção anual de sementes híbridas, reduzindo custos e simplificando o manejo (Ortiz & Ruane, 2017). A transferência de genes de apomixia de espécies selvagens para culturas cultivadas é um dos grandes desafios e oportunidades da biotecnologia vegetal.

3. Os Métodos de Melhoramento e os Sistemas Reprodutivos

A escolha e a eficácia dos métodos de melhoramento genético estão intrinsecamente ligadas ao sistema reprodutivo da espécie-alvo. Cada sistema impõe restrições e oferece oportunidades únicas.

Em espécies autógamas, o objetivo primordial é obter linhagens puras, homozigotas e uniformes. Métodos como a seleção genealógica (onde a progênie de cada planta selecionada é mantida e avaliada individualmente através de gerações de autofecundação), a descendência de uma única semente (SSD) (que acelera a homozigose permitindo o avanço de gerações em condições de alta densidade sem seleção rígida nas primeiras gerações), e o método Bulk (onde as sementes de uma população segregante são semeadas em massa e a seleção ocorre apenas em gerações mais avançadas) são comumente empregados. O sucesso nesses sistemas reside na capacidade de identificar e fixar combinações genéticas superiores em estado homozigoto (Sleper & Poehlman, 2006).

Para espécies alógamas, a manutenção da heterozigosidade e o aproveitamento da heterose são cruciais. Métodos como a seleção massal (seleção de plantas superiores com base no fenótipo, e suas sementes são misturadas para a próxima geração), a seleção recorrente (um ciclo repetitivo de seleção e intercruzamento para aumentar a frequência de genes favoráveis), e o melhoramento de híbridos são dominantes. No melhoramento de híbridos, linhagens puras são desenvolvidas e, então, combinadas em cruzamentos específicos para maximizar o vigor híbrido na progênie F1. A comercialização de sementes F1 em culturas como o milho e o girassol é um exemplo bem-sucedido dessa abordagem, mas exige a produção anual de sementes híbridas (Acquaah, 2012).

Em espécies de propagação assexual ou clonal, o desafio e a oportunidade residem na capacidade de fixar genótipos heterozigotos de alto desempenho. Uma vez que um genótipo superior é identificado (geralmente por meio de cruzamentos sexuais e seleção inicial), ele pode ser propagado indefinidamente como um clone, mantendo todas as suas características. Métodos como a seleção clonal são amplamente aplicados em culturas como batata, cana-de-açúcar, mandioca, árvores frutíferas e videiras. O melhoramento para essas espécies envolve a criação de variabilidade via reprodução sexual (quando possível) ou mutagênese, seguida de seleção rigorosa de indivíduos e posterior multiplicação vegetativa dos genótipos elite. A micropropagação, como mencionado, é uma ferramenta inestimável para a rápida multiplicação desses clones e para a produção de material fitossanitário, livre de doenças (George et al., 2008).

A integração de tecnologias modernas, como marcadores moleculares e edição gênica, tem um impacto profundo na otimização do melhoramento em todos os sistemas reprodutivos. Para espécies autógamas, a seleção assistida por marcadores pode acelerar a obtenção de homozigose em gerações mais precoces. Em alógamas, a seleção genômica permite uma predição mais precisa do valor de combinação dos genitores e uma seleção mais eficiente de indivíduos dentro das populações heterogêneas (Crossa et al., 2017). Para espécies clonais, a capacidade de caracterizar genótipos em nível molecular e aprimorar características específicas via edição gênica, sem alterar o resto do genoma elite, abre novas fronteiras.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os sistemas reprodutivos das plantas são a espinha dorsal do melhoramento genético. A escolha do método de melhoramento, o desenho das populações, a estratégia de seleção e a velocidade do progresso genético são todos ditados por como as plantas geram suas próximas gerações. Uma compreensão profunda dessas interações permite aos melhoristas desenvolver estratégias mais eficazes para criar as cultivares do futuro, capazes de atender às crescentes demandas por alimentos, fibras e energia em um cenário de mudanças climáticas e restrições de recursos (Dwivedi et al., 2016; Tester & Langridge, 2010). O manejo inteligente da diversidade genética e a aplicação das ferramentas corretas, adaptadas ao sistema reprodutivo, são a chave para o sucesso contínuo do melhoramento de plantas.

RECURSOS GENÉTICOS E A BASE DA INOVAÇÃO AGRÍCOLA

A agricultura moderna, em sua busca incessante por produtividade e resiliência, repousa sobre um fundamento biológico muitas vezes subestimado, os recursos genéticos vegetais. Esses recursos representam a totalidade da diversidade genética presente nas plantas, englobando desde as espécies selvagens, seus parentes mais próximos e as variedades tradicionais cultivadas por comunidades locais ao longo de milênios, até as linhagens avançadas e cultivares comerciais desenvolvidas por programas de melhoramento. A vasta variedade de genes contida nessa diversidade é a matéria-prima essencial para a adaptação das culturas às mudanças ambientais, às novas pragas e doenças, e às exigências nutricionais e econômicas da sociedade (Esquinas-Alcázar, 2005). Sem uma base genética rica e acessível, o melhoramento de plantas seria um esforço estéril, incapaz de gerar o progresso necessário para a segurança alimentar global.

A compreensão da origem e distribuição da diversidade genética das espécies cultivadas é um pilar fundamental para a gestão e o uso eficaz dos recursos genéticos. O botânico e geneticista russo, Nikolai Vavilov, foi um dos primeiros a conceber a existência

de centros de diversidade (ou centros de origem), regiões geográficas específicas onde as espécies cultivadas e seus parentes selvagens exibem a maior variabilidade genética (Vavilov, 1992). Esses centros são considerados berços da domesticação e da evolução das culturas, locais onde os processos de seleção natural e artificial operaram por milênios, resultando na riqueza genética que hoje conhecemos. Ele identificou, por exemplo, o centro de origem do trigo e da cevada no Crescente Fértil, o do arroz e da soja no Extremo Oriente, e o do milho e feijão na Mesoamérica. Cada um desses centros é um laboratório natural de evolução, abrigando uma gama impressionante de alelos e combinações genéticas, incluindo aqueles que conferem resistência a estresses e adaptabilidade a nichos específicos.

A importância desses centros transcende a curiosidade histórica; eles são reservatórios vivos de variabilidade que se tornaram cruciais para o melhoramento moderno. Enquanto as variedades comerciais de alta produtividade muitas vezes derivam de uma base genética relativamente estreita, a busca por genes que confirmem novas resistências, maior tolerância a estresses ou qualidades nutricionais aprimoradas frequentemente leva os melhoristas de volta a esses centros de diversidade. As variedades tradicionais e os parentes selvagens dessas regiões guardam “segredos” genéticos inestimáveis, capazes de impulsionar a próxima onda de ganhos de produtividade e resiliência nas culturas. No entanto, esses centros estão sob ameaça crescente, seja pela substituição de variedades locais por monoculturas modernas, pela urbanização, pela desflorestação ou pelas mudanças climáticas. A perda de habitats naturais e a desvalorização das práticas agrícolas tradicionais levam à erosão genética, um processo irreversível que diminui a diversidade de culturas e seus parentes selvagens, comprometendo a capacidade futura de adaptação da agricultura (Fowler & Mooney, 1990; Perz & Souza, 2018).

Para combater essa erosão e garantir a disponibilidade de recursos genéticos para as gerações futuras, foram desenvolvidas estratégias de conservação de germoplasma. A conservação pode ser realizada de duas formas principais: *ex situ* e *in situ*. A conservação *ex situ* envolve a manutenção de material genético fora de seu habitat natural. A forma mais comum e econômica é o armazenamento de sementes em bancos de germoplasma, também conhecidos como bancos de sementes. Nesses locais, as sementes são desidratadas e armazenadas em baixas temperaturas (geralmente entre -18°C e -20°C) para prolongar sua viabilidade por décadas ou até séculos. Exemplos notáveis incluem o Svalbard Global Seed Vault, na Noruega, que atua como uma “arca de Noé” para a diversidade de sementes do mundo, e inúmeros bancos nacionais e internacionais (Engels & Visser, 2003).



Figura 4. Svalbard Global Seed Vault

Para culturas que não produzem sementes viáveis ou que possuem sementes recalcitrantes (que não toleram a desidratação e o frio), outras estratégias *ex situ* são empregadas, como as coleções de campo (para culturas propagadas vegetativamente como batata, cana-de-açúcar, banana), coleções *in vitro* (cultura de tecidos em ambiente controlado) e a criopreservação (armazenamento em nitrogênio líquido a -196°C , que pode manter o material viável indefinidamente) (Frankel et al., 1995). Essas abordagens garantem a segurança física dos recursos genéticos.

Em paralelo, a conservação *in situ* envolve a manutenção da diversidade genética em seu ambiente natural ou nos locais onde ela evoluiu, sob as condições que a moldaram. Isso inclui a conservação em ecossistemas naturais (para parentes selvagens) e a conservação *on-farm* (em fazendas, onde os agricultores continuam a cultivar e evoluir variedades tradicionais ou locais). A conservação *in situ* é crucial porque permite que os processos evolutivos (seleção natural, mutação, fluxo gênico) continuem a atuar sobre as populações, gerando nova variabilidade e adaptando-as continuamente aos desafios ambientais (Esquinas-Alcázar, 2005). Além disso, ela reconhece e valoriza o papel fundamental dos agricultores e comunidades tradicionais na manutenção e na evolução da diversidade de culturas. Políticas e acordos internacionais, como o Tratado Internacional sobre Recursos Fitogenéticos para a Alimentação e a Agricultura (TIRFAA), buscam promover o acesso e a repartição de benefícios decorrentes do uso desses recursos, fomentando a colaboração global na conservação e utilização da biodiversidade agrícola.

A mera existência de germoplasma conservado, no entanto, não garante sua utilidade. O uso e a manutenção eficazes de germoplasma exigem uma série de atividades. A caracterização é a primeira etapa, onde os traços básicos (morfológicos, agrônômicos) de cada acesso são registrados, permitindo que os melhoristas identifiquem rapidamente os materiais com potencial. A avaliação aprofunda essa caracterização, testando os acessos sob condições específicas (por exemplo, sob estresse hídrico, ataque de pragas) para identificar aqueles que possuem características desejáveis de forma mais detalhada (Narayanan et al., 2020). Essa informação é vital para que os melhoristas não precisem testar milhares de acessos aleatoriamente, mas possam focar nos mais promissores.

O pré-melhoramento, como discutido no capítulo anterior, atua como uma ponte entre a conservação de germoplasma e os programas de melhoramento (Dwivedi et al., 2016). Ele envolve o processo de introduzir genes de interesse de acessos selvagens ou exóticos (que podem ter baixo desempenho agrônômico) em materiais geneticamente mais adaptados e produtivos, tornando esses genes mais utilizáveis pelos melhoristas sem comprometer os traços de elite já existentes. Isso é crucial para combater o “gargalo de domesticação”, que reduziu a diversidade em muitas culturas. A identificação de populações com alta capacidade de combinação e a realização de cruzamentos estratégicos são parte essencial dessa fase.

O desafio final na utilização do germoplasma reside em superar os “pescoços de garrafa” que impedem o fluxo de genes dos bancos de germoplasma para os campos dos agricultores. Isso inclui a falta de caracterização aprofundada, dificuldades de acesso legal, a necessidade de ferramentas mais eficientes para a seleção de traços complexos, e a gestão de grandes volumes de dados (fenotípicos e genômicos). A integração de tecnologias genômicas avançadas, como o sequenciamento de nova geração e a genotipagem de alta densidade, tem o potencial de revolucionar a utilização de germoplasma, permitindo a identificação de genes e alelos de interesse com maior precisão e eficiência. A bioinformática desempenha um papel crescente na análise desses dados complexos, facilitando a identificação de padrões e a seleção de genótipos (Cobb et al., 2019).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os recursos genéticos vegetais são o patrimônio biológico sobre o qual toda a agricultura se constrói e evolui. Os centros de diversidade são os tesouros onde essa riqueza foi forjada, e a conservação (tanto *ex situ* quanto *in situ*) é a guardiã dessa herança. A utilização eficiente do germoplasma, apoiada por uma caracterização e avaliação rigorosas e impulsionada por tecnologias de melhoramento de ponta, é o caminho para garantir que a diversidade genética continue a alimentar a inovação e a adaptação das culturas. Preservar e utilizar essa diversidade é um imperativo não apenas científico, mas também ético e econômico, essencial para a segurança alimentar global e a sustentabilidade de nossos sistemas agrícolas no futuro.

HERDABILIDADE – A MÉTRICA DO POTENCIAL GENÉTICO

A herdabilidade é um dos conceitos mais fundamentais e, ao mesmo tempo, frequentemente mal compreendidos em genética quantitativa e melhoramento de plantas. Ela representa a proporção da variação fenotípica observada em uma população que é atribuível a diferenças genéticas entre os indivíduos, e não a fatores ambientais. Em sua essência, a herdabilidade nos informa o grau em que as características de uma planta podem ser transmitidas da geração parental para a progênie, servindo como uma estimativa crucial para prever a resposta à seleção e orientar as estratégias de melhoramento (Falconer & Mackay, 1996; Lynch & Walsh, 1998). Sem uma estimativa razoável da herdabilidade, a seleção em um programa de melhoramento seria em grande parte um exercício de tentativa e erro, com resultados imprevisíveis.

1. Componentes da Herdabilidade

Para compreender a herdabilidade, é essencial primeiro desmembrar a variação fenotípica total (VP) de um traço em seus componentes constituintes. A variação que observamos em uma característica (como o rendimento de grãos ou a altura da planta) é o resultado da interação complexa entre o genótipo do indivíduo e o ambiente em que ele se desenvolve. Assim, a variação fenotípica total pode ser expressa como a soma da variação genética (VG) e da variação ambiental (VE), ou seja, $VP=VG+VE$. Em alguns contextos, a interação genótipo-ambiente (VGE) também é considerada, pois o efeito do genótipo pode variar dependendo do ambiente.

A variação genética (VG), que é o cerne da herdabilidade, pode ser subdividida em três componentes principais, que refletem as diferentes formas como os genes contribuem para a variabilidade:

- **Variação Genética Aditiva (VA):** Este é o componente mais importante para o melhoramento. Reflete a média dos efeitos dos alelos e a soma dos efeitos dos genes, sendo, portanto, a parte da variação genética que é transmitida de forma previsível dos pais para os filhos. É a base para a resposta à seleção, pois a seleção baseada nos valores fenotípicos dos indivíduos atua principalmente sobre os efeitos aditivos dos genes.

- **Variação Genética de Dominância (VD):** Esta variação resulta das interações alélicas dentro de um mesmo loco genético, onde um alelo pode dominar a expressão do outro. Os efeitos de dominância contribuem para o fenótipo, mas não são transmitidos de forma completa de pais para filhos (a menos que o indivíduo seja homozigoto). Portanto, a variação de dominância não é totalmente explorável pela seleção em linhagens puras, mas é crucial para o vigor híbrido (heterose).

• **Varição Genética Epistática (VI):** Também conhecida como variação de interação não-alélica, esta componente resulta das interações entre genes localizados em diferentes locus. A epistasia pode ser complexa e contribui para a variação total, mas, assim como a dominância, não é facilmente fixada ou manipulada pela seleção individual em populações segregantes.

Com base nessas componentes, a herdabilidade é expressa em dois sentidos:

• **Herdabilidade em Sentido Amplo (H^2):** É a proporção da variação fenotípica total (VP) que é devida a todos os tipos de variação genética (VG). Matematicamente, $H^2 = VG/VP$. Ela reflete o grau em que a variação observada é de origem genética, mas não distingue entre os tipos de ação gênica. É útil em sistemas de propagação clonal, onde todo o genótipo (incluindo efeitos de dominância e epistasia) pode ser reproduzido.

• **Herdabilidade em Sentido Restrito (h^2):** Esta é a medida mais relevante para o melhoramento em populações de reprodução sexual (onde a seleção visa acumular efeitos aditivos). Ela representa a proporção da variação fenotípica total (VP) que é devida apenas à variação genética aditiva (VA). Matematicamente, $h^2 = VA/VP$. A herdabilidade em sentido restrito prediz com mais precisão a resposta à seleção, pois a seleção dos melhores indivíduos de uma geração resultará no aumento da frequência de alelos com efeitos aditivos favoráveis na próxima geração (Acquaah, 2012; Bernardo, 2010). Valores elevados de h^2 indicam uma forte correspondência entre o fenótipo observado e o valor genético aditivo do indivíduo, maximizando a eficácia da seleção na identificação de genótipos superiores (Ali et al., 2023). Contudo, a herdabilidade é um parâmetro específico da população e do ambiente, podendo variar em diferentes condições ou fases de desenvolvimento da planta (Ali et al., 2023).

A herdabilidade não é uma propriedade intrínseca e constante de uma característica; ela é uma estimativa populacional que pode variar significativamente dependendo de vários fatores. A sua magnitude é influenciada pela população estudada, pelo ambiente em que a medição é feita, pela natureza do traço em questão e pela precisão das medições.

• **População Estudada:** A herdabilidade é específica para a população na qual foi estimada. Uma população com alta diversidade genética para um determinado traço tenderá a ter uma herdabilidade maior para esse traço do que uma população geneticamente mais homogênea. A seleção prévia também pode reduzir a variação genética aditiva, diminuindo a herdabilidade para esse traço nas gerações subsequentes (Falconer & Mackay, 1996).

- **Ambiente:** A variação ambiental (VE) é um componente da variação fenotípica total. Quanto maior a variação ambiental, menor será a proporção da variação total que pode ser atribuída à genética, resultando em uma estimativa de herdabilidade mais baixa. Em outras palavras, se as plantas são cultivadas em um ambiente muito heterogêneo (com variações de solo, umidade, luz, etc.), é mais difícil discernir os efeitos genéticos dos efeitos ambientais. A interação genótipo-ambiente (GxA) também afeta a herdabilidade, pois genótipos podem ter desempenho relativo diferente em distintos ambientes, obscurecendo o efeito genético geral.

- **Natureza do Traço:** Características qualitativas (geralmente controladas por poucos genes e com pouca influência ambiental, como a cor da flor) tendem a ter herdabilidades muito altas. Em contraste, características quantitativas (como o rendimento de grãos, que é controlado por muitos genes com pequenos efeitos individuais e fortemente influenciado pelo ambiente) geralmente possuem herdabilidades baixas a moderadas. Características de resistência a doenças ou estresses abióticos podem ter herdabilidades variáveis, dependendo da complexidade do controle genético e da pressão do patógeno ou estressor (Sharma et al., 2017; Tester & Langridge, 2010).

- **Precisão da Mensuração e Desenho Experimental:** A precisão com que as características são medidas e a adequação do desenho experimental impactam diretamente a estimativa da herdabilidade. Erros de medição ou um desenho experimental inadequado (que não controle a variação ambiental de forma eficiente) aumentam o componente de variação ambiental (VE), inflacionando-o e, conseqüentemente, subestimando a herdabilidade. Ensaios bem delineados, com repetições e blocagens, minimizam o erro experimental e fornecem estimativas mais precisas (Sleper & Poehlman, 2006).

2. Métodos para Estimação da Herdabilidade

A estimativa da herdabilidade é uma etapa crítica em programas de melhoramento, fornecendo informações valiosas para a tomada de decisão. Diversos métodos foram desenvolvidos, cada um com suas próprias premissas, vantagens e limitações.

- **Regressão de Prole sobre Parental (Parent-Offspring Regression):** Este é um dos métodos mais simples e diretos para estimar a herdabilidade em sentido restrito (h^2). Ele envolve a medição de uma característica em parentais e em sua progênie. A herdabilidade é estimada a partir da inclinação da reta de regressão do fenótipo da prole sobre o fenótipo do parental (geralmente o parental médio ou um parental específico). Por exemplo, se a regressão é da média da progênie sobre o parental médio, o coeficiente de regressão é igual à herdabilidade em sentido restrito ($b=h^2$). Se a regressão é da média da progênie sobre um único parental (ex: pai), o coeficiente é $b=h^2/2$. Este método é conceitualmente intuitivo e relativamente fácil de aplicar (Falconer & Mackay, 1996).

• **Componentes de Variância a partir de Análise de Variância (ANOVA):** Este método é amplamente utilizado, especialmente em experimentos com estruturas de família ou linhagens (como famílias de meios-irmãos, irmãos-completos, ou testes de progênie). A ANOVA permite decompor a variação fenotípica total em componentes atribuíveis a diferenças genéticas (entre famílias, entre linhagens) e a diferenças ambientais (dentro de famílias, erro experimental). A herdabilidade em sentido amplo (H^2) pode ser estimada a partir da proporção da variância genética total em relação à variância fenotípica total, enquanto a herdabilidade em sentido restrito (h^2) pode ser estimada a partir da variância aditiva, muitas vezes inferida de designs como o de meios-irmãos (Bernardo, 2010; Isik et al., 2018). Este método é robusto e amplamente aplicável em vários designs experimentais.

• **Estudos com Gêmeos ou Ensaios Clonais:** Em plantas que se propagam vegetativamente (clones), é possível ter genótipos idênticos crescendo em diferentes ambientes. Ao comparar a variação entre clones com a variação dentro dos clones (que seria puramente ambiental), a herdabilidade em sentido amplo (H^2) pode ser estimada de forma bastante precisa. Similarmente, estudos com gêmeos em humanos (gêmeos idênticos vs. fraternos) usam lógica análoga. Este método é poderoso para estimar H^2 porque o componente genético total é completamente replicado (Lynch & Walsh, 1998).

• **Herdabilidade Realizada:** Este método estima a herdabilidade *a posteriori*, com base na resposta observada à seleção em um programa de melhoramento. A herdabilidade realizada é calculada como a razão entre o ganho genético observado (diferença na média da característica entre a prole selecionada e a população original) e o diferencial de seleção (diferença na média da característica entre os indivíduos selecionados e a população original). É uma medida prática da eficácia da seleção em um ciclo de melhoramento (Acquaah, 2012).

• **Métodos Baseados em Marcadores Moleculares / Genômicos:** Com o avanço das tecnologias de genotipagem de alto rendimento, novos métodos para estimar a herdabilidade surgiram. A seleção genômica, por exemplo, utiliza modelos que consideram a relação de parentesco genômico entre todos os indivíduos de uma população (estimada a partir de milhares de marcadores de DNA) para estimar a herdabilidade em sentido restrito (Crossa et al., 2017). Como o GBLUP (Genomic Best Linear Unbiased Prediction) estimam a herdabilidade genômica (hg^2), que se refere à proporção da variação fenotípica explicada pelos marcadores genômicos. Este método é particularmente valioso para características complexas e para a estimativa de herdabilidade em populações não estruturadas, onde os métodos tradicionais poderiam ser menos eficientes.

O GBLUP permite uma predição mais acurada dos valores genéticos, mesmo para indivíduos que não foram fenotipados, otimizando a seleção precoce e a redução

do intervalo de gerações (Resende et al., 2021). Sua capacidade de capturar a variação genética de forma abrangente, ao utilizar informações de marcadores distribuídos por todo o genoma, torna-o particularmente eficaz para traços complexos e poligênicos, como produtividade e resistência a doenças (Gianola, 2022).

Este modelo tem sido amplamente aplicado no melhoramento de diversas culturas e espécies animais, contribuindo significativamente para o aumento do ganho genético e a eficiência dos programas de melhoramento (Yim et al., 2023). A adoção do GBLUP e de outros métodos de predição genômica é fundamental para a agricultura de precisão, permitindo uma seleção mais informada e direcionada para enfrentar os desafios globais de segurança alimentar e sustentabilidade (Yim et al., 2023).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A escolha do método de estimação da herdabilidade depende do tipo de população, da estrutura do experimento, da natureza da característica e dos recursos disponíveis. Independentemente do método, uma estimativa precisa da herdabilidade é um farol para o melhorista, indicando o potencial de sucesso da seleção e permitindo a alocação eficiente de recursos em busca do progresso genético desejado para as culturas. Compreender que a herdabilidade não é uma constante, mas uma propriedade da interação genótipo-ambiente-população, é crucial para sua aplicação correta e para a maximização dos ganhos genéticos no melhoramento de plantas.

SELEÇÃO DE GENITORES

A seleção de genitores é a base fundamental de qualquer programa de melhoramento genético. Essa etapa inicial é crucial para otimizar características em plantas agrícolas, aprimorar raças animais ou manipular microrganismos para fins biotecnológicos. A escolha criteriosa dos parentais define a amplitude e a natureza da variabilidade genética disponível para a seleção nas gerações futuras e, consequentemente, a magnitude do ganho genético alcançável (Acquaah, 2012; Bernardo, 2010). Uma decisão equivocada nesta fase pode comprometer anos de pesquisa e investimento, impactando diretamente o sucesso e a sustentabilidade a longo prazo de qualquer iniciativa de melhoramento.

Os cruzamentos são ferramentas essenciais em programas de melhoramento genético, promovendo a recombinação de genes e a geração de variabilidade genética, que é a matéria-prima para a seleção. A escolha do tipo de cruzamento depende dos objetivos do programa, do sistema reprodutivo da espécie e da natureza dos genitores disponíveis. Em espécies autógamas, a autofecundação (selfing) é fundamental para fixar alelos e criar linhagens puras, essenciais na produção de híbridos com alto vigor (Fehr, 1987). Já o cruzamento aberto (polinização livre) é vital em populações alógamas para preservar a diversidade genética e permitir a recombinação contínua de alelos, sendo usado, por exemplo, em populações sintéticas de milho para melhoramento recorrente (Hallauer et al., 2010).

Os cruzamentos controlados, ou hibridação dirigida, são realizados manualmente para combinar características de genitores específicos. Incluem o cruzamento simples ($P1 \times P2$), que combina atributos de duas linhagens; o cruzamento duplo [$(P1 \times P2) \times (P3 \times P4)$], comum na produção de híbridos de milho para maior adaptabilidade e estabilidade (Hallauer et al., 2010); e o cruzamento triplo [$(P1 \times P2) \times P3$]. Os cruzamentos multilinhares envolvem várias linhagens para maior estabilidade de produção e resistência a doenças.

O retrocruzamento (backcrossing) é uma estratégia eficaz para transferir um ou poucos genes desejáveis (e.g., genes de resistência) de um genitor doador para uma linhagem de elite (genitor recorrente), minimizando alterações nas demais características. Envolve cruzamentos sucessivos do híbrido com o genitor recorrente, seguido de seleção para o gene de interesse, sendo a eficiência otimizada com o uso de marcadores moleculares (Hospital, 2005; Collard & Mackill, 2008).

Os cruzamentos dialélicos envolvem o cruzamento de genitores em todas as combinações possíveis para estimar a Capacidade Geral de Combinação (CGC), que reflete efeitos genéticos aditivos, e a Capacidade Específica de Combinação (CEC), que indica efeitos não aditivos (dominância e epistasia). São cruciais para a seleção de genitores em programas de híbridos (Gardner & Eberhart, 1966; Hallauer et al., 2010). Para avaliar um grande número de linhagens de forma mais eficiente, empregam-se os cruzamentos Linha x Testador, onde testadores específicos avaliam a capacidade de combinação de diversas linhas, otimizando a triagem de genitores (Kempthorne, 1957). Os cruzamentos recorrentes, ou melhoramento recorrente, são ciclos repetidos de seleção e recombinação em uma população para acumular alelos favoráveis e melhorar a frequência de genes desejáveis, sendo eficazes para características quantitativas e para o aumento gradual do potencial genético (Bernardo, 2010).

A seleção de genitores é a etapa mais crítica e decisiva no planejamento de qualquer programa de melhoramento genético, influenciando diretamente seu sucesso e velocidade. Ela é a determinante da variabilidade genética na progênie, pois os genitores escolhidos são a única fonte de diversidade genética a ser explorada. Um conjunto bem selecionado fornece uma base genética ampla para a recombinação de alelos favoráveis e a geração de novos arranjos genéticos (Acquaah, 2012; Bernardo, 2010). A ausência de variabilidade limita severamente o ganho genético futuro.

Em segundo lugar, a seleção de genitores afeta a eficiência do programa de melhoramento. Genitores inadequados levam ao desperdício de recursos. Em contraste, a seleção criteriosa de genitores com alta capacidade de combinação e alelos complementares otimiza a eficiência, reduzindo gerações e o tamanho das populações necessárias para identificar indivíduos superiores (Lynch & Walsh, 1998). O objetivo final é o acúmulo de alelos favoráveis, onde genitores que contribuem com diferentes alelos complementares para características desejáveis são ideais, com alta probabilidade de gerar progênies com combinações ótimas de alelos (Bernardo, 2010).

Adicionalmente, a seleção visa à minimização de características indesejáveis. A análise rigorosa dos genitores potenciais é crucial para evitar a introdução de traços prejudiciais, como suscetibilidade a doenças ou baixa qualidade (Acquaah, 2012). Finalmente, a seleção de genitores impacta diretamente a resposta à seleção. A herdabilidade em sentido restrito (h^2), que representa a proporção da variação fenotípica total devida à variação genética aditiva (VA), é um preditor chave. Genitores com alta h^2 para características de interesse garantem um progresso genético substancial e previsível nas gerações seguintes (Ali et al., 2023). Atualmente, a estimativa de h^2 é aprimorada por metodologias que incorporam marcadores moleculares, como a seleção genômica (GS) (Ankamah-Yeboah et al., 2020; Yim et al., 2023), que permite previsões mais precisas dos valores genéticos, acelerando o progresso do melhoramento (Meuwissen et al., 2001).

A identificação de genitores potenciais é um processo intrincado que explora diversas fontes de material genético, sendo a diversidade genética a chave para o sucesso a longo prazo. Linhagens/Variedades de Elite são materiais de alto desempenho, amplamente usados como genitores por já possuírem muitos alelos favoráveis. Contudo, seu uso excessivo pode reduzir a base genética, aumentando a vulnerabilidade (Tester & Langridge, 2010). Em espécies híbridas, Linhagens Endogâmicas e Híbridos Comerciais são centrais; a seleção aqui foca na capacidade de combinação das linhagens para produzir híbridos de alto vigor e desempenho (Hallauer et al., 2010).

O Germoplasma Exótico, incluindo variedades locais (landraces) e parentes silvestres, é uma fonte inestimável de diversidade genética e de alelos para características não presentes em materiais de elite, como resistência a estresses bióticos e abióticos ou qualidades nutricionais únicas (Dwivedi et al., 2016; Hajjar & Hodgkin, 2007). Sua introgressão é uma estratégia vital. Populações Sintéticas e Composites são populações criadas artificialmente, mantidas em polinização aberta, servindo como reservatórios de diversidade genética para o melhoramento recorrente (Hallauer et al., 2010). Em retrocruzamentos, o Genitor Doador (com o gene de interesse) e o Genitor Recorrente (a linhagem de elite a ser melhorada) são essenciais, pois as características do recorrente são em grande parte mantidas na nova linhagem (Collard & Mackill, 2008).

A seleção de genitores é um processo complexo que combina informações de diferentes fontes e metodologias. A Análise de Pedigree (estudo da ancestralidade) fornece informações sobre a variabilidade genética esperada e o parentesco, ajudando a evitar a endogamia e a depressão por endogamia (Lynch & Walsh, 1998). A Avaliação Fenotípica (testes de performance) envolve a observação direta do desempenho dos genitores em diferentes ambientes, fornecendo dados cruciais sobre características agrônômicas, de qualidade e resistência a estresses (Acquaah, 2012).

A Capacidade Geral de Combinação (CGC) indica a média do desempenho de um genitor em cruzamentos (efeitos aditivos), fundamental para a seleção de genitores em programas de híbridos (Gardner & Eberhart, 1966). A Capacidade Específica de Combinação (CEC) reflete o desempenho de um cruzamento específico (efeitos não aditivos), crucial para identificar combinações parentais de alto desempenho (Hallauer et al., 2010). A

estimativa da Herdabilidade (h^2 e hg^2) é vital, pois genitores com alta herdabilidade para uma característica são mais propensos a transmiti-la previsivelmente à progênie (Ali et al., 2023).

A revolução genômica impulsionou o uso de Marcadores Moleculares. A Seleção Assistida por Marcadores (MAS) utiliza marcadores de DNA ligados a genes de interesse para selecionar genitores de forma mais eficiente e precoce, útil para características de difícil fenotipagem ou genes de resistência (Collard & Mackill, 2008). A Seleção Genômica (GS) prediz o valor genético de indivíduos usando marcadores moleculares distribuídos por todo o genoma, sem fenotipá-los todos. Modelos como o GBLUP estimam a herdabilidade genômica (hg^2) (Meuwissen et al., 2001). A GS permite previsões mais acuradas dos valores genéticos e acelera o progresso do melhoramento, sendo fundamental para a agricultura de precisão (Resende et al., 2021; Yim et al., 2023).

A Análise de Diversidade Genética, baseada em marcadores moleculares, avalia a distância genética entre genitores potenciais para identificar complementares e maximizar a heterose e a variabilidade genética. Métodos como análise de agrupamento e PCA são comuns (Mohammadi & Prasanna, 2003).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A crescente quantidade de dados tem impulsionado o uso de Ferramentas de Bioinformática e Algoritmos de Machine Learning. Essas ferramentas processam e integram grandes volumes de dados, identificam padrões, preveem o desempenho de cruzamentos e otimizam estratégias de seleção. A integração de todas essas abordagens é crucial para a seleção eficaz de genitores, garantindo que os programas de melhoramento alcancem seus objetivos de forma sustentável e eficiente.

SELEÇÃO NO MELHORAMENTO DE PLANTAS

A seleção é o processo central em qualquer programa de melhoramento de plantas, consistindo na identificação e escolha de indivíduos com características desejáveis para serem propagados e utilizados nas gerações seguintes. O objetivo final é alterar a composição genética de uma população para aumentar a frequência de alelos favoráveis e, consequentemente, aprimorar o desempenho das culturas. A eficácia dos métodos de seleção varia significativamente em função do modo de reprodução da espécie (autógama ou alógama), da natureza da característica a ser melhorada (qualitativa ou quantitativa) e da variabilidade genética disponível. Este capítulo se aprofundará em métodos clássicos e fundamentais para o melhoramento de plantas, como a Teoria das Linhas Puras, a Seleção Genealógica e a Seleção Massal, que formaram a base para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e adaptadas ao longo da história da agricultura.

1. A Teoria das Linhas Puras: Um Pilar para Autógamas

O conceito de linha pura é um dos pilares do melhoramento de plantas autógamas (que se autofecundam), como trigo, arroz, cevada, soja e feijão. Uma linha pura é definida como uma população geneticamente homogênea e homozigótica, resultante de sucessivas gerações de autofecundação de um único indivíduo heterozigoto original (George, 1999). Essencialmente, após várias gerações de autofecundação, a homozigose se estabelece progressivamente, resultando em indivíduos geneticamente idênticos dentro da linha.

A Teoria das Linhas Puras foi formulada e demonstrada experimentalmente por Wilhelm Johannsen no início do século XX, com seus estudos clássicos em feijão (Johannsen, 1903). Johannsen observou que, dentro de uma linha pura, a seleção não era eficaz para aumentar o desempenho de características quantitativas. Isso ocorria porque toda a variabilidade fenotípica observada dentro de uma linha pura era de natureza ambiental, uma vez que não havia variabilidade genética. A seleção, nesse contexto, apenas conseguia identificar indivíduos mais favorecidos pelo ambiente, mas que não transmitiam essa “melhoria” para a próxima geração.

A principal implicação prática da Teoria das Linhas Puras para o melhoramento é que, em espécies autógamas, a variabilidade genética necessária para o progresso da seleção deve ser criada antes da seleção intensiva, geralmente por meio de cruzamentos controlados entre indivíduos geneticamente distintos (Fehr, 1987). Uma vez que uma linha pura promissora é desenvolvida e selecionada, ela pode ser propagada em grande escala, mantendo suas características de forma estável, o que é uma grande vantagem para a produção agrícola. A estabilidade genética de uma linha pura garante uniformidade e previsibilidade no campo.

2. Seleção Genealógica: Rastreamento a Linha de Sucessão

A seleção genealógica, também conhecida como método *Pedigree*, é um dos métodos de seleção mais antigos e ainda amplamente utilizados no melhoramento genético de plantas autógamas (Allard, 1999; Acquaah, 2020). Esse método baseia-se no acompanhamento minucioso do parentesco das plantas selecionadas, desde o cruzamento inicial até as gerações avançadas. O objetivo central é o desenvolvimento de cultivares de linha pura a partir de populações segregantes, maximizando a expressão de caracteres desejáveis por meio de seleção individual.

O processo começa com o cruzamento entre dois genitores (P1 e P2), escolhidos com base na complementaridade de seus traços agrônômicos e adaptativos. A geração F1, homogênea e heterozigótica, dá origem à F2, na qual ocorre a maior segregação genética. A partir dessa geração, os melhoristas passam a selecionar plantas individuais com base em seu fenótipo e origem genealógica. Nas gerações F2 e F3, as plantas selecionadas são

colhidas separadamente, e suas progênies (ou fileiras) são cultivadas individualmente nas gerações seguintes.

A seleção entre e dentro das fileiras torna-se mais eficaz a partir da F4 ou F5, quando os níveis de homozigose já são elevados. A uniformidade fenotípica entre plantas de uma mesma fileira torna-se um indicativo de pureza genética, e apenas as mais estáveis e produtivas são mantidas. A partir da F6, realizam-se ensaios de valor agrônomo e testes de desempenho em múltiplos ambientes, buscando identificar as linhas mais promissoras para recomendação como cultivares comerciais (Sleper & Poehlman, 2006; Bernardo, 2023). Apesar de ser um processo longo e trabalhoso, o método *Pedigree* é valorizado pela alta eficiência na fixação de características complexas e pela possibilidade de rastrear a origem de cada linha desenvolvida, o que facilita sua posterior utilização em programas de melhoramento avançados

A seleção genealógica oferece vantagens significativas para o melhoramento genético, destacando-se o rastreamento do parentesco genético, que permite acompanhar a origem e o histórico genético de cada planta selecionada, facilitando a identificação e manutenção de linhagens promissoras. Além disso, este método apresenta alta eficiência na seleção de características complexas, como produtividade e resistência a estresses, devido ao controle mais rigoroso sobre traços poligênicos por meio da seleção individual planta por planta ao longo de várias gerações. Consequentemente, a seleção genealógica promove a fixação rápida de características desejáveis, acelerando o progresso genético e a obtenção de linhagens puras com as características-alvo desde as primeiras gerações.

3. Seleção Massal: Simplicidade e Aplicação

A seleção massal é o método de seleção mais antigo e mais simples, aplicável tanto em espécies alógamas (polinização cruzada) quanto, com algumas ressalvas, em autógamas. Consiste na seleção de indivíduos com base unicamente em seu desempenho fenotípico (características observáveis) em uma população, independentemente de seu parentesco (Hallauer et al., 2010). Todos os indivíduos selecionados são misturados para formar a próxima geração, sem manter registros individuais de suas progênies.

Em espécies alógamas, como o milho, a seleção massal é utilizada para melhorar características de alta herdabilidade. O processo envolve a seleção das melhores plantas de uma população e a mistura de suas sementes para semeadura na próxima estação. As vantagens incluem a simplicidade e o baixo custo, além da capacidade de lidar com um grande número de indivíduos. No entanto, a seleção massal em alógamas pode ser menos eficiente para características de baixa herdabilidade e pode ser influenciada por fatores ambientais e por polinização de plantas não selecionadas, o que reduz a precisão da seleção (Gardner, 1961). Para mitigar essas limitações, técnicas como a seleção massal com controle de polinização (Earto Row no milho, onde a progênie de cada espiga selecionada é plantada em uma linha separada para avaliação) foram desenvolvidas para aumentar a acurácia da seleção ao fornecer informações sobre a capacidade de transmissão do genitor (Sprague & Gardner, 1978).

Em espécies autógamas, a seleção massal também pode ser aplicada, mas com um objetivo diferente. Ela é utilizada principalmente para a purificação ou manutenção de cultivares de linha pura já estabelecidas, ou para a eliminação de tipos indesejáveis em populações segregantes. Nesses casos, a seleção massal visa remover plantas “fora de tipo” ou “doentes”, mantendo a uniformidade da cultivar. Para o desenvolvimento de novas linhagens a partir de cruzamentos, a seleção massal não é tão eficaz quanto a genealógica, pois não permite o rastreamento do parentesco e a identificação de linhagens homozigotas promissoras de forma controlada (Acquaah, 2007). A principal desvantagem da seleção massal é que ela não distingue entre variação genética e variação ambiental, o que a torna menos eficiente para características com baixa herdabilidade e em ambientes heterogêneos.

4. Comparativo e Complementaridade dos Métodos

Cada método de seleção possui suas peculiaridades e é mais adequado para determinadas situações. A Teoria das Linhas Puras é um conceito fundamental que explica o comportamento de populações autógamas e a ineficácia da seleção dentro de uma linha pura. Ela justifica a necessidade de criar variabilidade por cruzamentos em autógamas.

A Seleção Genealógica é um método refinado e preciso para autógamas, ideal para o desenvolvimento de novas cultivares de linha pura a partir de cruzamentos, permitindo controle detalhado do parentesco e seleção eficiente para características complexas, mas é demorada e intensiva em trabalho.

A Seleção Massal é simples, rápida e barata, sendo útil para o melhoramento de características de alta herdabilidade em alógamas ou para a purificação e manutenção de cultivares em autógamas, mas carece de precisão e controle de parentesco.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

No melhoramento moderno, esses métodos clássicos frequentemente são combinados ou complementados com abordagens mais avançadas, como a seleção recorrente para alógamas, a seleção assistida por marcadores (SAM) e a seleção genômica (SG), conforme discutido no Capítulo 7. A escolha do método depende da espécie, do objetivo de melhoramento e dos recursos disponíveis. A compreensão dos fundamentos de cada abordagem é crucial para o planejamento estratégico de um programa de melhoramento de plantas bem-sucedido (Bernardo, 2010).

HIBRIDAÇÃO NO MELHORAMENTO DE PLANTAS

A hibridação é uma ferramenta fundamental no melhoramento genético de plantas, representando a união de gametas provenientes de genitores geneticamente distintos. Esse processo visa criar novas combinações de genes e, consequentemente, gerar variabilidade genética sobre a qual a seleção pode atuar. Em essência, a hibridação permite ao melhorista combinar características desejáveis de diferentes variedades ou espécies em uma única progênie, superando as limitações da variabilidade existente em populações naturais ou linhas puras. A geração de uma população segregante é o primeiro passo para o sucesso de um programa de melhoramento baseado em hibridação, e a escolha do método de condução dessas populações segregantes impactará diretamente a eficiência da seleção subsequente. Este capítulo aborda três métodos principais de condução de populações híbridas: o Método da População (Bulk), o Método Genealógico e o Método de Uma Única Semente.

1. A Importância da Hibridação

A hibridação é crucial porque a variabilidade natural dentro de uma única população raramente contém todas as características desejáveis em combinações ideais. Ao cruzar dois ou mais genitores com qualidades complementares, por exemplo, um com alta produtividade e outro com resistência a doenças, o melhorista cria uma população F2 (segunda geração filial), onde ocorre a segregação e a recombinação de alelos. Essa recombinação resulta em uma vasta gama de genótipos, muitos dos quais podem ser superiores a ambos os genitores. A hibridação é, portanto, a fase criativa do melhoramento, enquanto a seleção é a fase de identificação e fixação desses genótipos superiores (Allard, 1999).

A escolha dos genitores para o cruzamento é um passo crítico. Eles devem ser geneticamente diversos, mas compatíveis, e possuir as características desejadas que se pretende combinar na progênie. A compreensão da herança das características de interesse (qualitativa ou quantitativa) e a avaliação da capacidade combinatória dos genitores são aspectos importantes a serem considerados antes da hibridação (Borém et al., 2018).

2. Métodos de Condução de Populações Segregantes

Após o cruzamento inicial e a obtenção da geração F1, que geralmente é uniforme e heterozigótica, as sementes da F1 são colhidas e semeadas para produzir a geração F2. É na F2 e nas gerações subsequentes (F3, F4, etc.) que a variabilidade genética se manifesta devido à segregação e recombinação. A maneira como essas populações segregantes são manejadas e selecionadas define os métodos de condução.

MÉTODO DA POPULAÇÃO (BULK)

O Método da População (Bulk), ou simplesmente “Método Bulk”, é uma abordagem de condução de populações segregantes que se caracteriza pela manutenção das gerações avançadas (F2, F3, F4...) como uma população mista, sem a seleção de plantas individuais ou o registro de pedigree nas primeiras gerações de segregação. As sementes de todas as plantas da geração F2 são misturadas e uma amostra é usada para semear a F3. Esse processo de semeadura e colheita em massa continua por várias gerações, geralmente até a F5 ou F6, quando um alto grau de homozigose é alcançado devido à autofecundação natural em espécies autógamas (Fehr, 1987).

Durante as primeiras gerações (F2 a F4/F5), a seleção natural pode atuar, eliminando genótipos menos adaptados ao ambiente de cultivo. Após algumas gerações de condução em massa, quando a população atingiu um nível elevado de homozigose e uniformidade, as plantas individuais são selecionadas, e suas progênies são avaliadas em linhas ou parcelas segregadas. Essa avaliação individual ou por progênie permite a identificação de linhagens promissoras que podem então ser submetidas a testes de rendimento e outras avaliações (Sleper & Poehlman, 2006).

Vantagens do Método Bulk

- Simplicidade e baixo custo: Requer menos trabalho e registro de dados nas primeiras gerações, pois não há manejo individual de plantas.
- Seleção natural: Permite que a seleção natural atue, eliminando genótipos indesejáveis ou pouco adaptados às condições ambientais prevaletentes, o que pode ser benéfico para a adaptação em longo prazo.
- Adequado para ambientes desfavoráveis: É particularmente útil quando o ambiente de cultivo é muito heterogêneo ou quando a seleção individual é dificultada por fatores ambientais.

Desvantagens do Método Bulk:

- Perda de genótipos desejáveis raros: A seleção natural pode eliminar genótipos com genes favoráveis que, por acaso, expressaram-se mal devido a condições ambientais adversas em uma determinada geração.
- Demorado: O método pode ser lento, pois requer várias gerações de condução em massa antes que a seleção individual possa ser efetivamente iniciada.

- Pouca informação sobre o pedigree: A ausência de registros de parentesco dificulta o rastreamento da origem genética de linhagens promissoras.

2. MÉTODO GENEALÓGICO (PEDIGREE)

O Método Genealógico, ou método Pedigree, é um dos mais tradicionais e amplamente utilizados no melhoramento de plantas autógamas (Allard, 1999). Diferente do método Bulk, a seleção e o registro do parentesco são rigorosamente mantidos desde a geração F2. Após o cruzamento entre os genitores (P1 x P2) e a obtenção das sementes F1, as plantas F1 são semeadas para produzir a F2.

A partir da geração F2, os melhoristas selecionam plantas individuais com base em suas características fenotípicas desejáveis. As sementes de cada planta selecionada são colhidas separadamente, e suas progênies são semeadas em linhas individuais na geração F3. Mantém-se um registro detalhado do parentesco (pedigree) de cada linha e planta selecionada. A seleção continua nas gerações F3, F4 e F5, com a avaliação sendo feita tanto dentro quanto entre as fileiras. À medida que as gerações avançam, as linhas tornam-se mais homozigóticas e uniformes. A partir da F5 ou F6, quando as linhas atingem um alto grau de homozigose, elas são avaliadas em ensaios de rendimento em múltiplos locais e anos para identificar as linhagens superiores que podem ser liberadas como novas cultivares (Fehr, 1987).

Vantagens do Método Genealógico:

- Controle rigoroso do parentesco: Permite ao melhorista um conhecimento detalhado da ancestralidade de cada linhagem, facilitando a identificação de combinações genéticas promissoras.

- Seleção precoce e contínua: A seleção é realizada desde a F2, permitindo a eliminação de genótipos indesejáveis em estágios iniciais.

- Eficiência para características de baixa herdabilidade: A avaliação da família (linha) oferece uma estimativa mais acurada do valor genético do que a seleção individual para características complexas.

Desvantagens do Método Genealógico:

- Intensidade de trabalho e custo: Requer um manejo individual de muitas plantas e um registro detalhado, o que o torna um método trabalhoso e caro.

- Demorado: O processo de autofecundação e seleção por gerações leva tempo até a liberação de uma nova cultivar.

- Pressão de seleção artificial: Pode não ser ideal para a seleção de adaptação geral, já que a seleção é mais focada em características específicas e menos na seleção natural.

3. MÉTODO DE UMA ÚNICA SEMENTE (SINGLE SEED DESCENT - SSD)

O Método de Uma Única Semente (SSD - Single Seed Descent) é uma estratégia de condução de populações segregantes que surgiu como uma alternativa mais eficiente em termos de tempo e trabalho em comparação ao método genealógico, especialmente para espécies autógamas. O principal objetivo do SSD é avançar as gerações o mais rapidamente possível até que a homozigose seja alcançada, minimizando o esforço de seleção nas gerações iniciais (Brim, 1966).

Nesse método, após a geração F₁, as plantas da F₂ são cultivadas. De cada planta F₂, é colhida apenas uma única semente (ou algumas poucas sementes) para semear a próxima geração (F₃). Esse processo de colher uma única semente por planta e avançar as gerações continua até que as plantas atinjam um alto grau de homozigose (geralmente F₅ ou F₆), com pouca ou nenhuma seleção fenotípica sendo realizada nas gerações intermediárias (F₂ a F₄/F₅). A seleção principal ocorre somente após as populações atingirem a homozigose, quando as linhas puras já estão formadas (Acquaah, 2007).

Vantagens do Método SSD:

- Rapidez: Permite o avanço rápido das gerações, pois não há seleção fenotípica intensiva e o manejo individual é mínimo até as gerações avançadas. Pode-se cultivar várias gerações por ano em casas de vegetação ou estações em latitudes diferentes.

- Eficiência de recursos: Reduz drasticamente o trabalho e o espaço necessários nas gerações iniciais, pois apenas uma semente por planta é colhida.

- Representatividade genética: Como a seleção fenotípica é evitada nas primeiras gerações, o método SSD tende a preservar uma proporção maior da variabilidade genética original, incluindo genótipos raros ou com fenótipos desfavoráveis nas primeiras gerações, mas que podem conter genes valiosos.

Desvantagens do Método SSD:

- Não há seleção nas primeiras gerações: Genótipos obviamente indesejáveis ou com problemas graves de vigor podem ser carregados até as gerações homozigotas, aumentando o volume de material a ser avaliado posteriormente.
- Grandes populações finais: Como muitos genótipos são mantidos, o número de linhagens a serem avaliadas nas gerações avançadas pode ser muito grande, exigindo mais espaço e recursos na fase de avaliação final.
- Pouca informação de pedigree: Assim como no método Bulk, o pedigree individual não é mantido nas primeiras gerações.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A escolha do método de condução de populações segregantes é uma decisão estratégica no melhoramento de plantas e depende de diversos fatores, incluindo a espécie (autógama ou alógama), o número de características a serem melhoradas, os recursos disponíveis (tempo, espaço, mão de obra) e o ambiente de cultivo.

O Método da População (Bulk) é ideal para quem busca simplicidade, baixo custo e confia na seleção natural para aprimorar a população em ambientes mais desafiadores.

O Método Genealógico é preferido para quem necessita de controle preciso do pedigree e deseja realizar seleção desde as primeiras gerações, especialmente para características de baixa herdabilidade ou múltiplas características, aceitando o maior esforço e tempo.

O Método de Uma Única Semente (SSD) é uma excelente opção para acelerar o processo de obtenção de homozigose e reduzir o manejo nas gerações iniciais, sendo vantajoso em ambientes controlados onde é possível avançar várias gerações por ano.

É importante notar que esses métodos não são mutuamente exclusivos e, em muitos programas de melhoramento modernos, eles podem ser combinados ou modificados. Por exemplo, uma fase inicial de condução Bulk pode ser seguida por uma seleção genealógica nas gerações avançadas. A hibridação, combinada com métodos de condução eficazes, continua sendo a força motriz para a criação de cultivares que impulsionam a produtividade agrícola.

MÉTODO DOS RETROCRUZAMENTOS

O método dos retrocruzamentos é uma das estratégias de melhoramento genético mais poderosas e precisas, amplamente usada em plantas, especialmente para transferir uma ou poucas características desejáveis de um genitor doador para uma cultivar ou raça de elite. Sua força está na capacidade de recuperar quase totalmente o genoma do genitor recorrente (aquele que queremos melhorar), enquanto se incorpora um traço específico do genitor doador. Este capítulo explora a teoria por trás do método dos retrocruzamentos, suas etapas, vantagens, desvantagens e considerações práticas.

O retrocruzamento (RC) envolve o cruzamento repetido de uma progênie híbrida com um de seus genitores. No melhoramento, geralmente temos dois genitores: o Genitor Recorrente (GR), que é a cultivar ou raça de elite com a maioria das características desejáveis, mas que precisa de uma ou poucas características específicas (por exemplo, resistência a uma doença); e o Genitor Doador (GD), que possui a característica desejável que o GR não tem, mas que pode ser inferior ao GR em outras características. O objetivo é transferir apenas essa característica do GD para o GR. O método começa com um cruzamento inicial entre o GR e o GD, produzindo a geração F1. Em seguida, a F1 é repetidamente cruzada de volta com o Genitor Recorrente (por isso o nome “retrocruzamento” ou backcross). Cada retrocruzamento aumenta a proporção do genoma do GR na progênie, enquanto mantém a segregação do gene ou genes da característica transferida do GD. O principal objetivo, então, é transferir um ou poucos genes (geralmente genes de efeitos maiores e de fácil identificação) do genitor doador para o genitor recorrente, minimizando a introdução de genes indesejáveis do GD. Esse método é especialmente eficaz para características controladas por um único gene ou por um pequeno número de genes com herança simples (Briggs & Knowles, 1967).

O método dos retrocruzamentos é um processo sistemático, geralmente dividido em várias etapas. Primeiro, o cruzamento inicial (GR x GD) produz a geração F1, que é heterozigota para o gene de interesse. Em seguida, as plantas F1 são cruzadas de volta com o Genitor Recorrente (Primeiro Retrocruzamento - RC1), resultando em uma progênie que tem, em média, 75% do genoma do GR. Depois, faz-se uma seleção rigorosa na população RC1 para identificar as plantas que possuem a característica desejável do GD. Esse processo de retrocruzamento e seleção é repetido por cerca de 4 a 6 gerações (Retrocruzamentos Consecutivos - RC2, RC3, RC4, etc.), onde a cada geração a proporção do genoma do GR dobra, enquanto a do GD diminui. Por exemplo, em RC4, a progênie já tem mais de 96% do genoma do GR. Após o número desejado de retrocruzamentos, as plantas da última geração selecionada (por exemplo, RC6) são autofecundadas para permitir que o gene de interesse do GD se torne homozigoto. A progênie resultante (RCnF2) segregará para o gene em questão, e então se faz a seleção e fixação de indivíduos homozigotos. Por fim, as linhagens homozigotas são submetidas a testes e avaliação em múltiplos locais e anos para confirmar a transferência bem-sucedida da característica e que a cultivar recorrente manteve suas qualidades agrônomicas superiores. Se tudo estiver correto, a nova linhagem pode ser liberada como uma cultivar (Fehr, 1987; Borém et al., 2018).

O método dos retrocruzamentos é muito valorizado no melhoramento por várias razões. Ele oferece precisão na transferência de genes, incorporando genes específicos com alta exatidão e minimizando a introdução de genes indesejáveis do doador. Além disso, permite uma recuperação rápida do genoma recorrente a cada retrocruzamento, garantindo que as características originais do GR sejam mantidas. É eficiente para melhorar cultivares elite, adicionando apenas uma característica que falta, sem comprometer o desempenho geral. A previsibilidade do resultado, especialmente para genes de herança simples, reduz o risco do programa. Apesar das etapas, a natureza direta do método e a previsibilidade podem até reduzir o tempo de liberação de uma nova cultivar em comparação com métodos que dependem de criar variabilidade do zero e de muitas gerações de seleção em grandes populações.

No entanto, o método dos retrocruzamentos também tem suas desvantagens e limitações. Ele não cria nova variabilidade, sendo focado apenas em transferir genes existentes. É ineficiente para características poligênicas, controladas por muitos genes, pois transferir múltiplos genes seria muito demorado e complexo (Ramalho et al., 2012). Há também o risco de “arrasto gênico” (linkage drag), onde pequenos segmentos do cromossomo doador ao redor do gene de interesse podem ser transferidos junto com ele, contendo genes indesejáveis. Isso exige mais retrocruzamentos ou a ajuda de marcadores moleculares para eliminar esses segmentos. A dependência da seleção do gene pode ser um desafio, especialmente se o gene for recessivo e exigir testes de progênie para ser identificado. Por fim, mesmo sendo eficiente para certos objetivos, ainda pode ser custoso e demorado, exigindo várias gerações e muitos recursos, dependendo do número de indivíduos a serem cruzados.

A biotecnologia tem aprimorado significativamente o método dos retrocruzamentos. A seleção assistida por marcadores (SAM) e a seleção genômica (SG) revolucionaram esse método, tornando-o muito mais rápido e eficiente (Ribaut & Hoisington, 1998; Bernardo, 2010). Usando marcadores moleculares, é possível selecionar plantas com o gene de interesse com alta precisão em cada geração, sem depender da avaliação fenotípica. Além disso, marcadores moleculares espalhados pelo genoma permitem identificar e selecionar plantas que recuperaram a maior proporção do genoma do genitor recorrente. Isso acelera a recuperação do genoma do GR e ajuda a minimizar o “arrasto gênico” (Collard & Mackill, 2008). Ao combinar a seleção do gene de interesse com a recuperação do genoma recorrente, os melhoristas conseguem reduzir o número de gerações de retrocruzamento necessárias de 6 para 2 ou 3, diminuindo consideravelmente o tempo de desenvolvimento de novas cultivares.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O método dos retrocruzamentos é uma ferramenta indispensável no arsenal do melhorista, especialmente para aprimorar cultivares ou raças elite com uma ou poucas características específicas. Sua sistematicidade e a capacidade de recuperar o genoma do genitor recorrente o tornam muito eficaz para objetivos de melhoramento bem definidos. A integração com tecnologias moleculares, como a seleção assistida por marcadores, elevou sua eficiência a um novo patamar, permitindo programas de melhoramento mais rápidos e precisos. Apesar de suas limitações para características poligênicas, sua aplicação continua sendo fundamental para o progresso genético e a inovação na agricultura.

POPULAÇÕES ALÓGAMAS - EQUILÍBRIO DE HARDY-WEINBERG

As populações alógamas são o foco de grande parte dos programas de melhoramento genético, especialmente em culturas como o milho, a alfafa e diversas espécies forrageiras. Elas se caracterizam por apresentarem polinização cruzada predominante, o que significa que os indivíduos de uma geração resultam do acasalamento entre diferentes genitores (Acquaah, 2007). Essa característica fundamental leva a uma alta heterozigose na população e a uma vasta variabilidade genética, pois ocorre constante recombinação e redistribuição de alelos entre os indivíduos. Diferente das espécies autógamas (que se autofecundam), onde a seleção busca fixar linhas puras homozigotas, nas alógamas o objetivo é melhorar o desempenho da população como um todo, aumentando a frequência de alelos favoráveis.

O Princípio do Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) é um modelo teórico fundamental na genética de populações. Ele descreve as condições sob as quais as frequências alélicas (frequência de genes) e as frequências genotípicas (frequência de genótipos) de uma população permanecerão constantes de geração em geração. Formulado independentemente pelo matemático britânico Godfrey Harold Hardy e pelo médico alemão Wilhelm Weinberg em 1908, esse princípio serve como um “estado nulo” ou linha de base para o estudo da evolução e do melhoramento genético (Freeman et al., 2020). Para que uma população esteja em EHW, cinco condições ideais devem ser atendidas: a população deve ser grande (infinita) para minimizar a deriva genética, os cruzamentos devem ocorrer ao acaso (panmixia), deve haver ausência de mutação, ausência de fluxo gênico (migração) e ausência de seleção natural.

Quando essas condições são satisfeitas, as frequências alélicas e genotípicas se relacionam por uma equação simples para um gene com dois alelos (A e a). Se p é a frequência do alelo A e q é a frequência do alelo a, então $p+q=1$. As frequências genotípicas em EHW são dadas pela expansão de $(p+q)^2$: $p^2+2pq+q^2=1$, onde p^2 é a frequência de AA, $2pq$ é a frequência de Aa e q^2 é a frequência de aa. Essa equação permite prever as frequências genotípicas se as frequências alélicas forem conhecidas e se a população estiver em equilíbrio. O equilíbrio genotípico é atingido em apenas uma geração de cruzamento ao acaso, desde que as frequências alélicas permaneçam constantes (Pierce, 2020).

No contexto do melhoramento de plantas alógamas, o EHW é uma referência crucial, mesmo que as populações de melhoramento raramente estejam em equilíbrio perfeito. Ele nos ajuda a entender as forças que alteram as frequências alélicas e genotípicas, que são justamente as ferramentas que os melhoristas utilizam para manipular a composição genética das populações. O EHW serve como linha de base para análise genética, permitindo comparar frequências observadas com as esperadas para inferir se a população está sendo afetada por seleção, endogamia ou migração (Hartl & Clark, 2024). Também é fundamental para a quantificação da variabilidade genética, pois a frequência de heterozigotos ($2pq$) indica o potencial para ganho genético e exploração de heterose (Poehlman & Sleper, 1995).

No planejamento da seleção, o EHW ajuda a estimar o ganho genético esperado, pois a seleção intencionalmente altera as frequências alélicas para aumentar a presença de alelos favoráveis (Resende et al., 2021). Além disso, é vital no estudo da endogamia, que, em alógamas, pode desviar a população do EHW, aumentando a homozigose e levando à depressão por endogamia, um fenômeno que os melhoristas buscam evitar (Borém et al., 2018). Por fim, o EHW permite a previsão de frequências genotípicas em futuras gerações, auxiliando em simulações e no entendimento do impacto de estratégias de cruzamento e seleção.

Na prática, as populações de melhoramento raramente estão em perfeito EHW, pois o próprio processo de melhoramento as desvia intencionalmente desse equilíbrio. Os fatores que causam esses desvios são as ferramentas dos melhoristas: a seleção, que favorece certos genótipos, alterando as frequências alélicas; as mutações, que introduzem novos alelos e criam variabilidade; a migração (fluxo gênico), que é a introdução de indivíduos de outras populações para aumentar a variabilidade; a deriva genética, que em populações pequenas pode causar flutuações aleatórias nas frequências alélicas (Falconer & Mackay, 1996).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O Equilíbrio de Hardy-Weinberg é mais do que uma simples fórmula matemática; é um conceito fundamental que ilumina a dinâmica genética das populações. Para o melhoramento de plantas alógamas, ele serve como um ponto de referência essencial para entender como as forças de seleção, mutação, migração e o próprio manejo de acasalamentos alteram as frequências gênicas e genotípicas ao longo das gerações.

Embora as populações de melhoramento sejam intencionalmente retiradas do EHW para atingir objetivos específicos, a compreensão de seus princípios permite aos melhoristas planejar estratégias mais eficazes, prever o progresso genético e gerenciar a variabilidade genética, garantindo a sustentabilidade e o sucesso a longo prazo dos programas de melhoramento. Ao manipular esses fatores, os melhoristas são capazes de “direcionar” a evolução das populações, criando cultivares mais produtivas, adaptadas e resilientes para a agricultura.

ENDOGAMIA E HETEROSE

A endogamia e a heterose são dois fenômenos genéticos intrinsecamente ligados e de suma importância para o melhoramento de plantas. Enquanto a endogamia se refere ao acasalamento entre indivíduos aparentados, resultando num aumento da homozigose e, frequentemente, na manifestação de alelos deletérios, a heterose, também conhecida como vigor híbrido, é o desempenho superior de um híbrido F1 em comparação com a média de seus genitores. Entender a dinâmica desses dois conceitos é fundamental para o planejamento eficaz de programas de melhoramento, pois um é, de certa forma, o reverso do outro em suas consequências fenotípicas e genéticas (Falconer & Mackay, 1996; Borém et al., 2018).

A endogamia é definida como o acasalamento entre indivíduos que possuem um ou mais ancestrais em comum, ou seja, são geneticamente aparentados. Esse tipo de acasalamento aumenta a probabilidade de que a progênie receba cópias idênticas do mesmo alelo de um ancestral comum, o que resulta num aumento da proporção de homozigotos (indivíduos com dois alelos idênticos para um dado gene) e uma diminuição da proporção de heterozigotos na população. O coeficiente de endogamia (F) é a medida que quantifica essa probabilidade, variando de 0 (população sem endogamia) a 1 (população completamente endogâmica). As principais consequências da endogamia são o aumento da homozigose e a depressão por endogamia. Esta última é uma redução do vigor, da produtividade, da fertilidade e da resistência a doenças à medida que o grau de endogamia aumenta. Isso ocorre porque o aumento da homozigose expõe alelos recessivos deletérios, que em condições heterozigotas seriam mascarados por alelos dominantes funcionais (Lynch & Walsh, 1998). A depressão por endogamia é particularmente notável em espécies naturalmente alógamas. A endogamia também pode levar à perda de variabilidade genética, especialmente em populações pequenas, limitando a capacidade de resposta da população à seleção futura (Frankham et al., 2010).

No melhoramento, a endogamia é uma faca de dois gumes. É evitada em cultivares comerciais de espécies alógamas, mas intencionalmente usada para desenvolver linhas endogâmicas que servem como base para a produção de híbridos (Poehlman & Sleper, 1995).

A heterose, ou vigor híbrido, é o fenômeno em que a progênie F1 de um cruzamento entre dois genitores geneticamente distintos apresenta um desempenho superior à média de seus genitores para uma ou mais características. Em muitos casos, o desempenho do híbrido F1 pode até mesmo superar o do melhor genitor, um conceito conhecido como heterose superior ou heterobeltiosis. A heterose é a base da produção de híbridos comerciais em diversas culturas, como milho, sorgo, girassol e, em menor grau, em algumas hortaliças, sendo também observada em animais (Shull, 1908; Crow, 1998). Existem duas principais hipóteses para explicar a heterose: a hipótese da dominância, que

é a mais aceita e postula que a heterose resulta da complementação de alelos dominantes favoráveis e do mascaramento de alelos recessivos deletérios na condição heterozigota (Borém et al., 2018); e a hipótese da superdominância, que sugere que o heterozigoto para um determinado locus pode ser intrinsecamente superior a ambos os homozigotos. A manifestação da heterose é mais pronunciada para características de aptidão, como produtividade, vigor e resistência a estresses, que geralmente são poligênicas e exibem efeitos de dominância significativos.

A endogamia e a heterose são conceitos opostos em seus efeitos fenotípicos, mas complementares na estratégia de melhoramento. A endogamia aumenta a homozigose e causa depressão, enquanto a hibridação aumenta a heterozigose e resulta em vigor híbrido. Essa relação recíproca é a base da estratégia de melhoramento por híbridos em espécies alógamas, como o milho. O processo envolve o desenvolvimento de linhas endogâmicas a partir de populações alógamas, por meio de sucessivas gerações de autofecundação forçada. Essas linhas, quase completamente homozigotas, geralmente exibem depressão por endogamia, mas são selecionadas para características desejáveis que se tornam fixas. Em seguida, essas linhas são testadas em cruzamentos entre si para avaliar sua capacidade combinatória, ou seja, a aptidão de uma linha para produzir híbridos de alto desempenho quando cruzada com outras (Sprague & Tatum, 1942; Hallauer et al., 2010). Por fim, as linhas endogâmicas que, quando cruzadas, produzem híbridos F1 com alta heterose são utilizadas em larga escala para a produção de sementes híbridas comerciais. Esses híbridos são geneticamente uniformes na geração F1 e exploram ao máximo o vigor híbrido para maximizar a produtividade e a estabilidade. O sucesso desse modelo depende da existência de grupos heteróticos, que são linhagens geneticamente distintas que, quando cruzadas, produzem alta heterose (Melchinger & Gumber, 1993).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A endogamia e a heterose são fenômenos que, embora opostos em suas manifestações, são estrategicamente manipulados no melhoramento de plantas e animais. Enquanto a endogamia, se não controlada, pode levar à depressão do desempenho e à perda de diversidade, ela é intencionalmente utilizada para purificar linhagens e fixar alelos, criando a base homozigota para a produção de híbridos. A heterose, por sua vez, é a manifestação do vigor resultante do cruzamento de linhagens distintas, representando um ganho significativo em produtividade e adaptabilidade. A manipulação estratégica desses fenômenos permite aos melhoristas desenvolver cultivares híbridas de alto desempenho que impulsionam a produtividade agrícola e a segurança alimentar em escala global, equilibrando a necessidade de fixar características com a de explorar a máxima variabilidade genética para o benefício produtivo.

REFERÊNCIAS

ACQUAAH, G. **Principles of Plant Genetics and Breeding**. Wiley-Blackwell, 2012.

AHMAD, S. et al. Modern plant breeding approaches for sustainable crop improvement. **Plant Breeding**, v. 139, n. 1, p. 1-15, 2020.

ALI, I.; AHANGER, M. A.; KHAN, M. S. Overview on heritability concept, application and its importance in quantitative genetics. **Agronomy Journals**, v. 5, n. 2, p. 104-108, 2023.

ALLABY, R. G.; FULLER, D. Q.; BROWN, T. A. The genetic history of crop domestication. **Trends in Genetics**, v. 33, n. 9, p. 653-664, 2017.

ALLARD, R. W. **Principles of Plant Breeding**. 2. ed. John Wiley & Sons, 1999.

ANKAMAH-YEBOAH, I.; MØLLER, R. K.; CHRISTENSEN, D. S. Genomic prediction for yield and disease resistance in oats (*Avena sativa* L.) under Danish conditions. **Euphytica**, v. 216, n. 6, p. 1-13, 2020.

BARRETT, S. C. H. The evolution of plant sexual dimorphism. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 17, n. 4, p. 175-182, 2002.

BERNARDO, R. **Breeding for Quantitative Traits in Plants**. Stemma Press, 2010.

BORÉM, A.; FRITSCHÉ-NETO, R.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 7. ed. Editora UFV, 2018.

BORLAUG, N. E. The Green Revolution Revisited and The Road Ahead. **Norwegian Nobel Institute**, 2007.

BRASIL ESCOLA. **Princípio de Hardy-Weinberg**. Disponível em: <https://brasilecola.uol.com.br/biologia/principio-hardy-weinberg.htm>. Acesso em: 2 jun. 2025.

BRIGGS, F. N.; KNOWLES, P. F. **Introduction to Plant Breeding**. Reinhold Publishing Corporation, 1967.

BRIM, C. A. A modified pedigree method of selection in soybeans. **Crop Science**, v. 6, n. 2, p. 220, 1966.

COBB, J. N. et al. Accelerating breeding progress in crop improvement. **Nature Plants**, v. 5, n. 9, p. 920-928, 2019.

COLLARD, B. C. Y.; MACKILL, D. J. Marker-assisted selection: an approach for accelerating genetic gain in plant breeding. **Crop Science**, v. 48, n. 4, p. 1435-1447, 2008.

COLLARD, B. C. Y.; MACKILL, D. J. Marker-assisted selection: an approach for speeding up plant breeding. **Functional Plant Biology**, v. 35, n. 2, p. 89-105, 2008.

CROSSA, J. et al. Genomic selection in plant breeding: methods, models, and perspectives. **Trends in Plant Science**, v. 22, n. 11, p. 961-975, 2017.

CROW, J. F. 90 Years of Hybrid Corn Breeding in the United States. **Genetics**, v. 148, n. 3, p. 923-928, 1998.

DOEBLEY, J. F.; GAUT, B. S.; SMITH, B. D. The molecular genetics of crop domestication. **Cell**, v. 127, n. 7, p. 1309-1321, 2006.

DOUDNA, J. A.; CHARPENTIER, E. The new frontier of genome engineering with CRISPR-Cas9. **Science**, v. 346, n. 6213, p. 1258096, 2014.

DUVICK, D. N. Genetic progress in spite of frost. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 98, n. 20, p. 10998-11000, 2001.

DWIVEDI, S. L. et al. Enhancing crop genetic gains for sustainable food security. **Molecular Breeding**, v. 36, n. 6, p. 1-19, 2016.

DWIVEDI, S. L. et al. Genetic Resources and Their Utilization in Crop Improvement. In: **Genetics and Plant Breeding**. Springer, 2016. p. 1-28.

ENGELS, J. M.; VISSER, L. (Eds.). **A guide to effective management of germplasm collections**. IPGRI, 2003.

ESQUINAS-ALCÁZAR, J. Protecting crop genetic diversity for food security: political, ethical and technical challenges. **Nature Reviews Genetics**, v. 6, n. 12, p. 946-953, 2005.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4. ed. Longman, 1996.

FEHR, W. R. **Principles of Cultivar Development: Theory and Technique**. Macmillan Publishing Company, 1987.

FOWLER, C.; MOONEY, P. **Shattering: Food, Politics, and the Loss of Genetic Diversity**. University of Arizona Press, 1990.

FRANKEL, O. H.; BROWN, A. H. D.; BURDON, J. J. **The Conservation of Plant Biodiversity**. Cambridge University Press, 1995.

FURBANK, R. T.; TESTER, M. Phenomics—technologies for increasing high-throughput phenotyping for crop improvement. **Trends in Plant Science**, v. 16, n. 12, p. 643-652, 2011.

GARDNER, C. O. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. **Crop Science**, v. 1, n. 4, p. 241-245, 1961.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related experiments. **Biometrics**, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966.

GEPTS, P. et al. The domestication of common bean (*Phaseolus vulgaris*) in the Americas. In: **Plant Breeding Reviews**. John Wiley & Sons. p. 57-104. 2008

GEORGE, E. F.; HALL, M. A.; DE KLERK, G. J. **Plant propagation by tissue culture**. Springer, 2008.

GEORGE, R. A. T. **Vegetable Seed Production**. 2. ed. CABI Publishing, 1999.

GIANOLA, D. Genomic Best Linear Unbiased Prediction (GBLUP): A Tutorial. **Genetics Selection Evolution**, v. 54, n. 1, p. 1-17, 2022.

- GODFRAY, H. C. J. et al. Food security: The challenge of feeding 9 billion people. **Science**, v. 327, n. 5967, p. 812-818, 2010.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956.
- GROSS, B. L.; OLSEN, K. M. Genetic evolution of rice under domestication. **Molecular Ecology**, v. 19, n. 5, p. 892-904, 2010.
- GUSTAFSSON, Å. Apomixis in higher plants. **Lunds Universitets Årsskrift, N.F. Avd. 2**, v. 42, n. 3, p. 1-67, 1946.
- HAJJAR, R.; HODGKIN, P. The use of wild relatives in crop improvement: a survey of developing countries. **Euphytica**, v. 156, n. 1-2, p. 1-13, 2007.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. Springer, 2010.
- HARLAN, J. R. **Crops and Man**. American Society of Agronomy and Crop Science Society of America, 1992.
- HARTL, D. L.; CLARK, A. G. **Principles of Population Genetics**. Oxford University Press, 2024.
- HOJSGAARD, D.; HÖRANDL, E. The evolution of apomixis in plants: a complex interplay of genetic, epigenetic, and ecological factors. **The Plant Cell**, v. 31, n. 7, p. 1391-1403, 2019.
- HOSPITAL, F. Marker-assisted backcross breeding: a practical approach. **Molecular Breeding**, v. 15, n. 1, p. 11-20, 2005.
- JAGANATHAN, D.; RAMASAMY, R. K.; THANGARAJ, H. CRISPR-Cas9 based genome editing: a novel approach for crop improvement. **Molecular Biology Reports**, v. 45, n. 2, p. 297-308, 2018.
- JAMES, C. **Global status of commercialized biotech/GM crops: 2018**. ISAAA Brief No. 54. Ithaca, NY: ISAAA, 2018.
- JOHANNSEN, W. Über Erblichkeit in Populationen und in reinen Linien. 1903.
- KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. John Wiley & Sons, 1957.
- LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and Analysis of Quantitative Traits**. Sinauer Associates. v. 1. 1998
- LYNCH, M.; WALSH, B. **Evolution and Selection of Quantitative Traits**. Sinauer Associates. v. 2. 2007
- MELCHINGER, A. E.; GUMBER, R. K. Overview of Heterosis and Inbreeding Depression. In: **The Genetics of Maize Breeding**. Springer-Verlag, p. 5-34. 1993
- MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, n. 4, p. 1819-1829, 2001.

- MEYER, R. S.; PURUGGANAN, M. D. From de novo domestication to crop improvement: the long and short of plant domestication. **Trends in Plant Science**, v. 18, n. 6, p. 317-325, 2013.
- MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of genetic diversity in crop plants: salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, n. 4, p. 1235-1248, 2003.
- MUNDO EDUCAÇÃO. **Equilíbrio de Hardy-Weinberg**. Disponível em: <https://mundoeducacao.uol.com.br/biologia/equilibrio-hardyweinberg.htm>. Acesso em: 2 jun. 2025.
- NARAYANAN, S. et al. Genomic approaches for accelerating the utilization of plant genetic resources in crop improvement. **Plant Genetic Resources**, v. 18, n. 2, p. 115-125, 2020.
- ORTIZ, R.; RUANE, J. Plant breeding and genetic resources for food and agriculture. **Euphytica**, v. 213, p. 1-10, 2017.
- PERZ, J. C.; SOUZA, J. C. Genetic erosion and germplasm conservation: A systematic review. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 65, p. 1159-1175, 2018.
- PHILLIPS, L. R. **Animal Breeding: Principles for Genetic Improvement**. CABI, 2018.
- PIERCE, B. A. **Genetics: A Conceptual Approach**. W. H. Freeman & Company, 2020.
- PINGALI, P. L. Green Revolution: Impacts, limits, and the path ahead. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 109, n. 31, p. 12302-12308, 2012.
- POEHLMAN, J. M. **Breeding Field Crops**. 3. ed. Van Nostrand Reinhold, 1987.
- POEHLMAN, J. M.; SLEPER, D. A. **Breeding Field Crops**. 4. ed. Iowa State University Press, 1995.
- PRIMROSE, S. B.; TWYMAN, R. M. **Principles of Gene Manipulation and Genomics**. 7. ed. Blackwell Publishing, 2007.
- PURUGGANAN, M. D.; FULLER, D. Q. The nature of crop domestication and parallel molecular evolution. **Nature**, v. 457, n. 7231, p. 843-848, 2009.
- RAMALHO, M. A. P. et al. **A Genética e o Melhoramento do Feijoeiro Comum**. Editora UFLA, 2012.
- RESENDE, M. D. V. et al. Genomic selection in plant breeding: an overview of genomic prediction methods, statistical models, and applications. **Brazilian Journal of Plant Physiology**, v. 33, e0094-19, 2021.
- RICHARDS, A. J. **Plant Breeding Systems**. CRC Press, 1997.
- RIBAUT, J. M.; HOISINGTON, D. A. Marker-assisted selection: new tools and strategies. **Trends in Plant Science**, v. 3, n. 6, p. 236-239, 1998.
- SHARMA, M.; KUMAR, A.; SINGH, R. Breeding for disease resistance in crop plants. In: **Plant Breeding**. Cham: Springer, p. 53-84. 2017.

- SHULL, G. H. The Composition of a Field of Maize. **Report of the American Breeders' Association**, v. 4, p. 296-301, 1908.
- SLEPER, D. A.; POEHLMAN, J. M. **Poehlman's Breeding Field Crops**. Blackwell Publishing, 2006.
- SPRAGUE, G. F.; GARDNER, C. O. **Cereal Breeding**. 2. ed. John Wiley & Sons, 1978.
- SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. Specific Combining Ability in Single Crosses of Corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, v. 34, n. 10, p. 923-932, 1942.
- TESTER, M.; LANGRIDGE, P. Breeding technologies to increase crop production in a changing world. **Science**, v. 327, n. 5967, p. 814-818, 2010.
- TILMAN, D. et al. Agricultural sustainability and intensive production practices. **Nature**, v. 418, n. 6898, p. 671-677, 2002.
- UFMG. **Equilíbrio de Hardy-Weinberg**. Disponível em: <http://labs.icb.ufmg.br/lbem/aulas/grad/evol/hwpop.html>. Acesso em: 2 jun. 2025.
- USP. **Melhoramento de Espécies Alógamias**. Disponível em: http://www.genetica.esalq.usp.br/sites/default/files/disciplina_arquivos/Aula10%20-%20JBP.pdf. Acesso em: 2 jun. 2025.
- VARSHNEY, R. K.; HOISINGTON, D. A.; TYAGI, A. K. Advances in molecular breeding of legumes: an overview. **Plant Breeding Reviews**, v. 26, p. 179-216, 2005.
- VAVILOV, N. I. **Origin and Geography of Cultivated Plants**. Cambridge University Press, 1992.
- WESSLER, J. The social and economic impact of gene editing in agriculture. **GM Crops & Food**, v. 11, n. 1, p. 1-10, 2020.
- WELSH, J. R. **Fundamentals of Plant Breeding and Genetics**. John Wiley & Sons, 1981.
- WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative Genetics and Selection in Plant Breeding**. Walter de Gruyter, 1986.
- XU, Y.; LAN, T.; ZOU, C. Molecular breeding approaches for crop improvement. **Molecular Breeding**, v. 37, p. 1-17, 2017.
- YIM, S.; HAN, Y.; LEE, H. Digitalizing breeding in plants: A new trend of next-generation breeding based on genomic prediction. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, p. 1092584, 2023.