

Genética e Melhoramento de Plantas e Animais

Genética e Melhoramento de Plantas e Animais

Silvana de Cássia Paulan Silvelise Pupin

© 2019 por Editora e Distribuidora Educacional S.A.

Todos os direitos reservados. Nenhuma parte desta publicação poderá ser reproduzida ou transmitida de qualquer modo ou por qualquer outro meio, eletrônico ou mecânico, incluindo fotocópia, gravação ou qualquer outro tipo de sistema de armazenamento e transmissão de informação, sem prévia autorização, por escrito, da Editora e Distribuidora Educacional S.A.

Presidente

Rodrigo Galindo

Vice-Presidente Acadêmico de Graduação e de Educação Básica

Mário Ghio Júnior

Conselho Acadêmico

Ana Lucia Jankovic Barduchi Danielly Nunes Andrade Noé Grasiele Aparecida Lourenço Isabel Cristina Chagas Barbin Thatiane Cristina dos Santos de Carvalho Ribeiro

Revisão Técnica

Fernanda Müller de Oliveira Rovai Paulo Sérgio Siberti da Silva Vaine Fermoseli Vilga

Editorial

Elmir Carvalho da Silva (Coordenador) Renata Jéssica Galdino (Coordenadora)

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Paulan, Silvana de Cássia

P324g Genética e melhoramento de plantas e animais / Silvana de Cássia Paulan, Silvelise Pupin. – Londrina : Editora e Distribuidora Educacional S.A., 2019. 192 p.

ISBN 978-85-522-1404-5

Genética de plantas.
 Genética de animais.
 Melhoramento de plantas e animais.
 Paulan, Silvana de Cássia.
 II. Pupin, Silvelise.
 III. Título.

CDD 630

Thamiris Mantovani CRB-8/9491

2019

Editora e Distribuidora Educacional S.A.

Avenida Paris, 675 – Parque Residencial João Piza CEP: 86041-100 — Londrina — PR e-mail: editora.educacional@kroton.com.br Homepage: http://www.kroton.com.br/



Sumário

Unidade 1
Tópicos de genética para a agronomia7
Seção 1.1
Leis da genética e aplicabilidade na agronomia9
Seção 1.2
Introdução à genética de populações25
Seção 1.3
Princípios de genética quantitativa39
Unidade 2
Métodos de melhoramento genético vegetal57
Seção 2.1
Métodos de melhoramento de plantas autógamas
Métodos de melhoramento de plantas alógamas
Seção 2.3
Vegetais: interação genótipo e ambiente
Unidade 3
Tópicos de genética animal
Seção 3.1
Princípios básicos de melhoramento animal aplicado em espécies zootécnicas107
Seção 3.2
Avaliação genética e controle zootécnico122
Seção 3.3
Biotecnologia aplicada aos animais de produção138
Unidade 4
$\label{eq:melhoramento} \mbox{Melhoramento genético de animais de interesse zootécnico} \ \ 153$
Seção 4.1
Melhoramento de bovino leiteiro155
Seção 4.2
Melhoramento de bovino de corte166
Seção 4.3
Melhoramento genético de suínos e aves178

Palavras do autor

aro estudante, seja bem-vindo à disciplina Genética e Melhoramento de Plantas e Animais. A genética desperta interesses em todos nós, não é mesmo? Questões simples ou bastante complexas podem aguçar nossa curiosidade de modo a nos colocar no limite entre a ciência e a ficção científica. Você já parou para pensar como é possível existirem tantas raças caninas diferentes e todas elas pertencerem à mesma espécie? Podemos alterar o genoma de uma planta para torná-la mais nutritiva e rica em vitaminais e minerais? Por que podemos herdar características físicas de nossos pais? Seria possível criar super-humanos a partir da indução de mutações ou das técnicas recentes de edição do genoma?

Para compreender o que é possível ou não e os fenômenos contrastantes de hereditariedade e variação, é preciso estudar os genes, que são a unidade básica responsável pela transmissão da informação genética.

A contribuição da genética para as ciências agrárias é inegável e favoreceu o aumento de produtividade, rendimento e qualidade dos produtos agropecuários, por meio de ferramentas aplicadas ao melhoramento genético animal e vegetal. Diante do crescimento populacional, a maior necessidade de produção de alimentos, fibras e energia – devido ao risco que as alterações climáticas poderão causar –, faz com que a genética e o melhoramento genético tornem-se ainda mais fundamentais. Pronto para conhecer mais a respeito de cromossomos, genes, alelos e nucleotídeos?

A partir dos conceitos básicos de genética que você vai aprender, será possível a aplicação prática dos métodos de melhoramento genético, tão importantes e que contribuem com o desenvolvimento e eficiência da agropecuária do Brasil. Na Unidade 1, aprenderemos sobre a aplicabilidade da genética para agronomia e produção animal e estudaremos as contribuições de Gregor Mendel para fundar os alicerces da genética. Também veremos a estrutura de populações e os fatores evolutivos que podem alterar as frequências alélicas e genotípicas ao longo de gerações e o equilíbrio de Hardy-Weinberg. Os princípios de genética quantitativa e os parâmetros básicos aplicados ao melhoramento genético serão abordados na terceira seção. Na Unidade 2 você será introduzido aos principais métodos de seleção

de espécies vegetais autógamas e alógamas de interesse agronômico e aos conceitos da interação entre genótipos e ambientes, bem como sua importância para realização do zoneamento agroclimático. Na Unidade 3, você estudará a avaliação genética e os princípios básicos de melhoramento animal e, por fim, na Unidade 4 você verá as aplicações do melhoramento genético de bovinos, suínos e aves.

Você desenvolverá o raciocínio crítico e terá condições para solucionar problemas práticos do dia a dia de um agrônomo, que atua como pesquisador ou melhorista em uma empresa ou laboratório. Com dedicação ao estudo, você entenderá a importância da genética para o melhoramento de plantas e animais, e vai contribuir tecnicamente com o grande desafio da agropecuária brasileira, no sentido de aumentar a produção de alimentos sem dispor de áreas florestais nativas para satisfazer a população mundial.

Ótimo estudo!

Unidade 1

Tópicos de genética para a agronomia

Convite ao estudo

A genética é um assunto bastante intrigante. Apesar de ser uma ciência recente, as técnicas moleculares permitiram um avanço espetacular do conhecimento sobre a estrutura e função do DNA. Ainda há muito a ser estudado. Muitas perguntas foram respondidas, outras, no entanto, geraram mais perguntas. Por que possuímos 480 sequências específicas de nucleotídeos idênticas a outros animais e 86% do nosso DNA é considerado como "matéria escura"? Quais genes estão associados à resistência da soja à ferrugem asiática? Como se desenvolveu a musculatura dupla em raças bovinas?

O advento das técnicas moleculares permitiu acessar informações do polimorfismo de um segmento específico de DNA, por meio de um número ilimitado de marcadores que cobrem todo o genoma de um organismo. Nesse momento, houve a mudança do paradigma da genética mendeliana para genética genômica. Entre a diversidade de marcadores moleculares, destacam-se os microssatélites, e suas vantagens incluem o elevado grau de polimorfismo, a herança codominante e a detecção multialélica. A técnica é eficiente, de fácil execução, reprodutível e permite acessar a diversidade genética e a real relação de parentesco entre indivíduos. Para o melhoramento genético, isso evita o cruzamento entre indivíduos aparentados, prevenindo os efeitos deletérios da depressão endogâmica.

A compreensão dos conceitos básicos de genética será necessária para aplicação no melhoramento genético animal e vegetal, e permitirá que você saiba mobilizá-los no âmbito agronômico e zootécnico. Para atingirmos esse objetivo, na Seção 1.1, estudaremos as contribuições de Mendel e a importância dos seus estudos da hereditariedade. Na Seção 1.2, estudaremos a estrutura de populações, o equilíbrio de Hardy-Weinberg e as implicações para o melhoramento genético. Na Seção 1.3, você será introduzido aos princípios de genética quantitativa, que são importantes para análise de caracteres produtivos e empregados na seleção de genótipos superiores.

Diante desse contexto, vamos nos concentrar no seguinte cenário profissional: você é o agrônomo contratado por um Centro de Pesquisa em Genética e Melhoramento Vegetal (CPGMV) do Nordeste. Sua principal função é avaliar dados moleculares gerados a partir da genotipagem com

marcadores microssatélites e recomendar diretrizes para o melhoramento genético de espécies frutíferas. Você recebeu a missão para auxiliar o programa de melhoramento genético da empresa Frutas do Nordeste, que busca produzir cultivares de maracujá amarelo (Passiflora edulis) para serem utilizados por agricultores da Bahia, o maior estado produtor dessa fruta no Brasil. A empresa enviou folhas para a genotipagem de 120 indivíduos com 20 locos microssatélites. Os indivíduos procedem de 30 progênies pré-selecionadas como as mais produtivas em um banco de germoplasma. Entre elas, verificou-se que a maior produção de frutos foi para o MA58, e nela foram coletadas sementes de polinização aberta e produzidas 80 mudas, genotipadas para os mesmos 20 locos microssatélites. Além dessa matriz, verificou-se que a produção de frutos por planta estava acima da média para outros indivíduos da população, indicando boas condições para seleção. Sabe-se que a herdabilidade no sentido restrito para essa característica é de 0,23 e que, com uma intensidade de seleção de 20%, a média da população melhorada passaria para 42 quilogramas de frutos por planta, em vez de 15 quilogramas. A partir de agora, com dados moleculares e quantitativos, você possui os subsídios necessários para auxiliar o programa de melhoramento genético de maracujazeiro amarelo da Frutas do Nordeste, com base nos estudos de herança mendeliana, genética populacional e quantitativa.

Analisando os resultados de genotipagem, é possível afirmar que esse *loco* se comporta, de fato, como um marcador genético? A população de maracujazeiro amarelo encontra-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg? Quais fatores estariam envolvidos no equilíbrio? Quanto seria o ganho de seleção em porcentagem, considerando a intensidade de seleção reportada?

Ao final dessa Unidade 1, você será capaz de responder essas e outras questões associadas à genética e verificar sua relevância para elaborar diretrizes para o melhoramento genético. Pronto para começar?

Leis da genética e aplicabilidade na agronomia

Diálogo aberto

Nosso genoma é formado por 50% de genes de origem materna e 50% de genes de origem paterna. O *crossing over* que ocorre entre cromossomos homólogos na fase de paquíteno da Meiose I, durante a formação dos gametas dos genitores, é uma das razões pelas quais os irmãos são indivíduos diferentes. Apesar disso, os irmãos compartilham inúmeros genes, alguns dos quais conferem características semelhantes, como a mesma cor dos olhos. Na história humana, a curiosidade a respeito da hereditariedade e variação sempre esteve presente.

Desde os primórdios da agricultura, o homem, intuitivamente, coletava sementes das melhores plantas para cultivá-las na safra seguinte. Somente os trabalhos de Mendel, em 1866, evidenciaram que fatores invisíveis atuavam no comportamento hereditário de características. Desde então, os avanços na genética foram vertiginosos. Atualmente, as ferramentas moleculares permitem acessar informações do polimorfismo de um segmento específico de DNA, por meio de um número ilimitado de marcadores que cobrem todo o genoma de um organismo.

Entre eles destacam-se os microssatélites, marcadores moleculares empregados para genotipagem no Centro de Pesquisa em Genética e Melhoramento Vegetal, onde você é engenheiro agrônomo e recebeu a missão para auxiliar uma pesquisa que vem sendo desenvolvida pela empresa Frutas do Nordeste, que busca produzir cultivares de maracujá amarelo para serem utilizados por agricultores da Bahia. Para isso, a empresa enviou folhas com bom estado sanitário para você proceder com a extração de DNA e a genotipagem dos indivíduos de maracujá amarelo, empregando 20 locos microssatélites já descritos para essa espécie no banco de dados competente. Com os resultados da genotipagem em mãos, referente à matriz MA58 e suas 80 progênies (filhas), você precisa verificar se os marcadores microssatélites utilizados na genotipagem correspondem de fato a marcadores genéticos. Essa confirmação é necessária para adequar os modelos estatísticos que serão utilizados às suas análises de genética de populações, evitando erros que podem conduzir a resultados biologicamente inexplicáveis. Você decide, então, escolher um loco, aleatoriamente, e sabe que ele está em heterozigose. Continuando com sua atribuição, você precisa averiguar se a segregação dos gametas da matriz MA58 corresponde à proporção esperada de 1:1 e, portanto, encontra-se em conformidade com a primeira lei de Mendel.

Você escolhe fazer essa verificação pelo teste de chi-quadrado, utilizado para investigar se a ocorrência de um determinado evento observado é estatisticamente diferente do que era esperado. Para proceder com essa verificação, você escolheu o marcador molecular do *loco* PE23 e observou que das 80 progênies, 42 apresentaram o genótipo 206/206, 26 apresentaram o genótipo 206/198 e 12 apresentaram o genótipo 198/198. Diante do exposto, qual o genótipo da matriz para esse *loco*? Aplicando o teste de chi-quadrado, a 5% de significância, a hipótese de segregação regular pode ser aceita?

A resolução desses questionamentos permitirá que você seja capaz de tomar decisões importantes dentro do cotidiano de um laboratório de pesquisa. Bom trabalho!

Não pode faltar

Olá, aluno! Pronto para conhecer as leis da genética e suas aplicabilidades na agronomia? Para iniciar, vamos entender a gênese de todo esse processo. Gregor Johann Mendel (1822-1884) era um monge agostiniano interessado na constância de características que se mantinham mesmo em cruzamentos híbridos. Embasado em análises experimentais cuidadosas, Mendel fundamentou a genética. Você já se perguntou por que determinada pessoa é a única de sua família com olhos claros como os de seu avô? E por que seu nariz é tão parecido com o do seu pai?

De acordo com a concepção mendeliana, a herança de qualquer característica dependia da transmissão de unidades discretas, os fatores hereditários. Mendel não falava em genes, mas especulava que o comportamento hereditário era determinado por unidades físicas minúsculas e ocultas, embora sua natureza ainda permanecesse desconhecida.

No pequeno jardim adjacente ao Mosteiro de St. Thomas, localizado na atual República Tcheca, Mendel cultivou mais de 33.500 plantas de ervilha (*Pisum sativum* L.) entre 1856 e 1863 (HARTL, 1998). Em 1866, o monge publicou os resultados de seus experimentos na conferência da Sociedade de História Natural de Brno, sem que houvesse o devido reconhecimento da sua importância. Antes de sua morte, em 1884, Mendel teria dito a um jovem monge que seu trabalho lhe trouxera muita satisfação e que ele estava convencido de que seria apreciado pelo mundo inteiro. Você concorda que o estudo de Mendel foi muito além de ser apenas "apreciado" e seu legado representaria o marco da genética como ciência?

Nos seus experimentos, Mendel utilizou variedades de ervilhas que diferiam em características contrastantes e facilmente observáveis, como

sementes lisas e rugosas, amarelas e verdes. Outras características observadas pelo monge foram: cor de flores, cor e formato de vagens, posição das vagens e comprimento do caule. As ervilhas são plantas autógamas e, assim, reproduzem-se, preferencialmente, por autofecundação, ou seja, o pólen de uma flor fertiliza os óvulos da mesma flor. No entanto, é possível manipular cruzamentos controlados, removendo as anteras ainda imaturas da flor e adicionando, ao estigma, o pólen da flor de uma outra planta. Além disso, a ervilha é uma planta herbácea, que produz muitas sementes e possui ciclo reprodutivo curto. Com isso, Mendel pôde realizar e controlar gerações de autofecundação e cruzamento.

O monge reconheceu que era necessário estudar características uniformes e que eram herdáveis em qualquer variedade de ervilha, por exemplo: uma variedade sempre com sementes lisas e outra variedade sempre com sementes rugosas. Assim, o híbrido (monohíbrido) era o resultado do cruzamento entre genitores que diferiam para uma característica de interesse. Outras características poderiam ser diferentes, mas, nesse experimento, apenas uma era o propósito. No total, Mendel avaliou sete características que foram testadas individualmente e chamou de **fator**, o agente responsável por cada uma.

Inicialmente, Mendel realizou o cruzamento de ervilhas entre genitores com sementes rugosas e sementes lisas (locos em homozigose). Sua observação foi que 100% das sementes híbridas (primeira geração filial ou F_1) eram lisas, ou seja, possuíam a característica de apenas um dos genitores. Para verificar se o genitor masculino ou feminino influenciava a expressão da característica, Mendel realizou cruzamentos recíprocos, em que utilizou variedades de sementes lisas como genitor masculino e variedades de sementes rugosas como genitor feminino e vice-versa. O resultado foi sempre o mesmo: todas as sementes híbridas F_1 eram lisas. Então, ele procedeu outros cruzamentos entre plantas que apresentam características contrastantes: o resultado foi sempre o mesmo. Todas as progênies F_1 exibiam a característica de um genitor, enquanto a outra estava ausente. Surgiu, então, o que Mendel chamou de característica dominante, quando esta estava presente e, característica recessiva, quando estava ausente.

A característica recessiva é expressa na progênie híbrida quando ela se autofecunda ou quando F_1 são intercruzadas. Quando Mendel deixou que as sementes híbridas de F_1 se autofecundassem, ele contou 5.474 sementes lisas e 1.850 sementes rugosas, na proporção fenotípica de aproximadamente 3:1 para a geração F_2 . Resultados similares foram obtidos para as outras características que ele avaliou. Desse modo, as principais observações de Mendel foram que: os híbridos expressam apenas a características dominante em F_1 na geração F_2 , as plantas expressam características dominantes e recessivas;

em F_2 a proporção é de, aproximadamente, três plantas com a característica dominante para uma planta com a característica recessiva. Outra importante observação de Mendel foi que a característica que não foi expressa em F_1 reapareceu inalterada em F_2 , concluindo que os fatores hereditários não se misturavam ou não se contaminavam. Era o princípio da segregação regular. Verificar que *locos* segregam de modo regular é importante inclusive para as técnicas moleculares mais recentes, para confirmar se um marcador molecular funciona realmente como um marcador genético, permitindo utilizar com confiança, os modelos estatísticos aplicados aos mais diversos fenômenos biológicos.

Para explicar seus resultados, Mendel recorreu à estatística e formulou a hipótese de que todas as células reprodutivas (gametas) contêm um fator hereditário: "A" para sementes lisas e "a" para sementes rugosas. O cruzamento entre eles deve gerar o híbrido com genótipo "Aa" na geração F_1 e todas as sementes devem ser lisas, em razão da dominância de "A" sobre "a". Quando as plantas da geração F_1 se autofecundam, os fatores hereditários "A" e "a" se separam na formação dos gametas em proporções iguais. Assim, na geração F_2 a combinação aleatória dos gametas deve resultar na proporção dos genótipos: 1/4 "AA", 1/2 "Aa" e 1/4 "aa", conforme a proporção genotípica de 1:2:1, ou 3/4 de sementes lisas e 1/4 de sementes rugosas, conforme a proporção fenotípica de 3:1.

Continuando seus experimentos, Mendel conduziu a geração F_3 . Das 5.474 sementes lisas, ele plantou 565 e obteve 193 plantas que produziram apenas sementes lisas (1/3) e 372 plantas que produziram sementes lisas e rugosas (2/3). Das sementes rugosas (1.850), todas produziram apenas sementes rugosas. Com os resultados seguindo as proporções genotípicas esperadas de 1:2:1, Mendel postulou sua primeira lei, embora não a denominasse por tal termo: na formação dos gametas, os fatores hereditários segregam de modo que cada célula reprodutiva (gameta) tenha a mesma probabilidade de conter um membro do par de fatores.

No entanto, Mendel ainda não estava satisfeito e, assim como você pode estar se perguntando, ele almejava descobrir se apenas um fator era o responsável pela hereditariedade. O termo "fator hereditário" utilizado por Mendel foi definido apenas décadas depois, no início do século XX, pelo botânico dinamarquês Johannsen (1909), como "gene". Rapidamente, esse termo se tornou fundamental para a genética e também para a biologia. Nós, seres humanos, possuímos 23 pares de cromossomos homólogos nas nossas células somáticas.

Cromossomos são cadeias de DNA em dupla hélice, condensados às proteínas nucleares (histonas e outras associadas), e para cada par temos

um cromossomo que foi herdado da nossa mãe e o outro que foi herdado do nosso pai. O gene, ao qual Mendel hipoteticamente se referia, representa a unidade física fundamental da hereditariedade, constituído por uma sequência de nucleotídeos, que codifica um produto funcional (polipeptídeo ou RNA). Um gene pode apresentar dois ou mais alelos, que são responsáveis pelas variações de uma mesma função ou característica, e que podem ocupar mesma localização no loco gênico, em cada par de cromossomos homólogos.



Assimile

Alguns conceitos são importantes para genética e precisam estar bem claros e fixados no seu conhecimento. Vamos a eles?

Genótipo: conjunto de genes (genoma) de um indivíduo.

Fenótipo: conjunto de características visíveis e/ou mensuráveis, determinado pela manifestação do genótipo, pelo ambiente e pela interação entre eles.

Dominante: o alelo se expressa tanto em homozigose quanto em heterozigose.

Híbrido: refere-se à geração F₁ e oriunda do cruzamento entre indivíduos (genitores) com genótipos contrastantes, a resultar em indivíduos híbridos heterozigóticos para um ou mais locos.

Variedade: refere-se a um conjunto de indivíduos que possuem genótipos em homozigose e heterozigose para diferentes locos.

Para sanar sua curiosidade, Mendel procurou verificar os fatores envolvidos na herança de duas ou mais características simultaneamente. Plantas com sementes lisas e amarelas foram cruzadas com plantas de sementes rugosas e verdes. Novamente, as progênies F, apresentaram as características de apenas um dos genitores. Mendel observou 100% de sementes lisas e amarelas, porque a característica lisa é dominante sobre rugosa, assim como amarelo é dominante sobre verde. Posteriormente, as plantas foram autofecundadas, resultando em quatro fenótipos em F2: 315 sementes lisas e amarelas, 108 sementes lisas e verdes, 101 sementes rugosas e amarelas e, por fim, 32 sementes rugosas e verdes.

Para cada característica isoladamente na geração F_2 , Mendel observou a proporção fenotípica de 3:1 (423:133 - formato da semente, ou 416:140 - coloração da semente). Assim, quando as características são combinadas aleatoriamente, dos 3/4 de sementes lisas, 3/4 serão amarelas e 1/4 será verde. Do mesmo modo, de 1/4 das sementes rugosas, 3/4 serão amarelas e 1/4 será verde.

Para entendermos como Mendel testou a segunda hipótese da segregação independente, vamos representar os alelos que influenciam o formato da semente por "A" e "a", e os alelos que influenciam a coloração da semente por "B" e "b". Mendel acreditava que a segregação dos alelos "A" e "a" para as sementes lisas ou rugosas não afetariam a segregação dos alelos "B" e "b" para sementes de coloração amarela e verde, ou seja, a hipótese era que a segregação dos alelos nos gametas ocorresse de forma independente. Portanto, para o cruzamento entre os genitores "AABB" e "aabb", o genótipo das progênies dos híbridos F, deve ser 100% "AaBb".

Ao assumir a hipótese de segregação independente, a proporção dos diferentes tipos de gametas é de 1/4 AB, 1/4 Ab, 1/4 aB e 1/4 ab, conforme o quadro de Punnett (Tabela 1.1). Quando os quatro tipos de gametas se combinam aleatoriamente para formar o embrião da próxima geração, a proporção esperada em F₂ será de 9:3:3:1 ou 9/16, 3/16, 3/16 e 1/16 para os fenótipos: sementes lisas e amarelas, sementes lisas e verdes, sementes rugosas e amarelas e sementes rugosas e verdes, respectivamente. Em seu experimento, Mendel verificou a seguinte proporção para esses fenótipos: 315:108:101:32 ou, aproximadamente, a proporção esperada de 9:3:3:1.

Tabela 1.1 | Quadro de Punnett para segregação independente dos alelos

	1/4 AB	1/4 Ab	1/4 aB	1/4 ab
1/4 AB	1/16 AABB	1/16 AABb	1/16 AaBB	1/16 AaBb
1/4 Ab	1/16 AABb	1/16 AAbb	1/16 AaBb	1/16 Aabb
1/4 aB	1/16 AaBB	1/16 AaBb	1/16 aaBB	1/16 aaBb
1/4 ab	1/16 AaBb	1/16 Aabb	1/16 aaBb	1/16 aabb

Fonte: elaborada pela autora.

Com base em suas observações, Mendel pôde, então, escrever a segunda lei: a segregação dos membros de qualquer par de alelos é independente da segregação de outros pares alelos para formação das células reprodutivas.

Vamos tomar como exemplo os dados que Mendel obteve para a aplicação do teste estatístico de chi-quadrado. Esse teste é utilizado para determinar quão bem os dados observados estão de acordo com as expectativas derivadas de uma hipótese genética.

Por exemplo: para testar a hipótese de segregação independente, Mendel testou duas características simultaneamente, cada uma controlada por um gene com dois alelos. A hipótese nula (H₀) indica que a separação dos alelos nos gametas atende à lei de segregação independente, enquanto a hipótese

alternativa (H₁) não atende. Assim, se os pares de alelos que afetam o formato das sementes for "A" e "a" e a coloração das sementes for determinado por "B" e "b", deve-se observar a proporção fenotípica em F, de 9:3:3:1.

Mendel plantou 556 sementes e observou que 315 plantas apresentaram sementes lisas e amarelas, enquanto a proporção esperada era de $\frac{9}{16} \times 556 = 312,75$, ou arredondando as casas decimais, 313 sementes. Na Quadro 1.1, "observado" refere-se ao número de progênies observadas com as características e "esperado", ao número de progênies que eram esperadas de acordo com a proporção de Mendel. A "diferença" (d) é a subtração de "observado" por "esperado".

Quadro 1.1 | Análise das frequências esperadas e observadas por Mendel para características de sementes de ervilha lisas e rugosas, e amarelas e verdes

Fenótipo	Propor	ções F ₂	Diferença	Teste chi-quadrado
	Observado (o)	Esperado (e)	d= o-e	$\chi^2 = \sum_{i=1}^n \frac{d^2}{e}$
Lisa Amarela	315	313 (9/16)	[2]	0,013
Lisa Verde	108	104 (3/16)	4	0,154
Rugosa-Ama- rela	101	104 (3/16)	- 3	0,086
Rugosa-Verde	32	35 (1/16)	- 3	0,257
Total	556	556	-	0,510

Fonte: elaborado pela autora.

Para um grau de liberdade (duas classes, ou seja, dois *locos* G - 1) e nível de significância de 5%, o valor tabelado é 3,84. Assim, a conclusão estatística é que, como 0,51 < 3,84, o teste de chi-quadrado não foi significativo (ver valores críticos no Quadro 1.2). Assim, aceita-se a hipótese de segregação independente (Hipótese H_0), portanto, as proporções fenotípicas observadas estão de acordo com as proporções fenotípicas que eram esperadas (9:3:3:1).



Exemplificando

Para realizar o teste de chi-quadrado, primeiro é necessário definir a hipótese genética em detalhes, especificando os genótipos e os fenótipos dos genitores e das progênies (descendentes). Utilize probabilidades para fazer previsões explícitas das proporções que devem ser observadas se a hipótese genética for verdadeira. Utilize as proporções em número de progênies — proporções e porcentagens não são permi-

tidas para o cálculo de chi-quadrado. Para cada classe das progênies, subtraia o número observado pelo número esperado e eleve este resultado ao quadrado e, em seguida, deve-se dividir pelo número esperado. Some os resultados calculados para todas as classes de progênies. Esta soma refere-se ao valor de chi-quadrado para esses dados. Compare esse valor com o valor tabelado de chi-quadrado.

Para encontrar o valor tabelado você deve utilizar a tabela de distribuição de chi-quadrado e determinar o nível de significância adotado para o teste estatístico e o grau de liberdade (Quadro 1.2). Em geral, adota-se o nível de 5% de significância ou 1% de significância, no caso de ser necessário um teste estatístico mais rigoroso. Para calcular o grau de liberdade (GL), utiliza-se a fórmula: n-1; em que, n é o número de classes do fator. Assim, se estivéssemos avaliando a hipótese de segregação independente para quatro *locos*, GL seria 4-1=3 (GL), uma vez que o fator seria o número de *locos*. Cruzando os resultados na tabela de distribuição de chi-quadrado para 5% de significância e 3 GL, obteríamos o valor de chi-quadrado tabelado de 7,82.

Quadro 1.2 | Valores críticos de chi-quadrado a 5% de significância

Graus de liberdade	Valor crítico a 5%
1	3,841
2	5,991
3	7,815
4	9,488
5	11,070
6	12,592
7	14,067
8	15,507
9	16,919
10	18,307
15	24,996
20	31,410

Fonte: Snustad e Simmons (2017, [s.p.]).

Na primeira lei de Mendel, um gene determinava uma característica. Na segunda lei, duas características foram trabalhadas simultaneamente. O monge contou com uma pitada de sorte ao escolher as características que trabalharia, pois os genes que determinavam essas características estavam localizados em cromossomos diferentes, e, por essa razão, eles segregavam de modo independente. Se esses genes estivessem em ligação genética devido à proximidade dos *locos*, Mendel certamente não seria capaz de interpretar seus resultados, pois o processo meiótico e de recombinação gênica eram desconhecidos naquela época. No caso de Mendel, a separação das sementes por características era bem definidas: lisas ou rugosas, amarelas ou verdes.



Reflita

Você pode se perguntar: "então, e no caso de características que são determinadas em níveis gradativos (quantitativas) ou quando não é possível identificar classes distintas (qualitativas)?" Ou ainda, "como funciona a segregação dos alelos caso estes estejam em *locos* próximos nos cromossomos?"

Para alguns casos, as proporções de Mendel não são aplicadas. Para expressão dos fenótipos, os genes entram em ação, e um importante fenômeno é a interação. Os alelos podem interagir uns com os outros de formas complexas, e também interagir com o ambiente. Neste momento, vamos estudar as interações entre os genes, que podem ser alélicas ou não-alélicas. Isso é bastante relevante principalmente porque a maioria das características de interesse agronômico e zootécnico são quantitativas, ou seja, são governadas por um grande número de genes, que podem estar ou não no mesmo *loco*.

As interações **alélicas** ocorrem entre genes do mesmo *loco* e podem ser de dominância, codominância e sobredominância. Na <u>dominância</u>, o efeito do alelo dominante mascara o efeito do alelo recessivo; ela pode ser completa ou incompleta. No caso de dominância completa, podemos citar o exemplo para a cor de pelagem da raça bovina Aberdeen Angus. O cruzamento entre os genitores "AA" (pelagem negra) e "aa" (pelagem vermelha) gera 100% das progênies de pelagem negra "Aa". Para dominância incompleta, o valor fenotípico do heterozigoto apresenta-se entre os valores dos homozigotos. Por exemplo, o comprimento da pelagem do porquinho-da-índia pode ser determinado pelos alelos "PP", que representam pelo longo; "Pp", representando pelo médio a longo; e "pp", que representam pelo curto. Na dominância incompleta, o valor fenotípico do heterozigoto não é o ponto médio entre os valores dos homozigotos, por essa razão, o comprimento de pelagem varia de médio a longo. Para flor de boca-de-leão (*Antirrhinum majus* L.), as plantas

homozigotas possuem dois alelos que podem levar à formação do pigmento vermelho (flor vermelha) ou ausência de pigmentação (flor branca). O heterozigoto resultante do cruzamento entre plantas de flores vermelhas e brancas resulta em plantas de coloração rosa.

Já na <u>sobredominância</u>, o fenótipo do heterozigoto extrapola o intervalo dos fenótipos dos homozigotos. Um exemplo é a quantidade de pigmento fluorescente no olho de *Drosophila*: o genótipo "DD" apresenta o fenótipo sem pigmento, enquanto o genótipo "D+D" possui uma grande quantidade de pigmento e "D+D+" uma pequena quantidade de pigmento. Por fim, na <u>codominância</u>, o fenótipo do heterozigoto situa-se no ponto médio entre os fenótipos dos homozigotos. Como exemplo, citamos novamente a cor da pelagem, desta vez, em bovinos da raça Shorthorn: o genótipo "RR" desenvolve pelagem vermelha, enquanto o recessivo "rr" desenvolve pelagem branca. O cruzamento entre os homozigotos gera progênies com pelagem ruão (coloração mesclada de branco e vermelha).

Outro tipo de interação é denominado de **não-alélica** e ocorre entre genes localizados em *locos* diferentes. Esse tipo engloba: pleiotropia, epistasia e alelos múltiplos. A <u>pleiotropia</u> é o fenômeno em que um gene controla duas ou mais características simultaneamente que, aparentemente, não estão relacionadas. Como exemplo, podemos citar a porcentagem de gordura e a quantidade de leite em bovinos leiteiros. Essas duas características apresentam correlação genética negativa, uma vez que, para produzir mais leite, o animal consome mais gordura.

Já na epistasia, a interação ocorre entre alelos de diferentes *locos*, que podem estar ou não no mesmo cromossomo. Ela pode ser dominante ou recessiva. A epistasia dominante é quando um *loco* só pode ser expresso se o genótipo do indivíduo é homozigoto recessivo para outro *loco*. Para exemplificar, vamos empregar a coloração das penas de galinhas da raça Leghorn: o gene "C" confere o fenótipo com penas coloridas, enquanto o gene "c" resulta em penas brancas. O gene I possui efeito epistático sobre o gene C, assim: genótipos "C_ii" apresentam fenótipos com penas coloridas e "cc_" e "C_I_" apresentam penas brancas. Na epistasia recessiva, somente quando o genótipo do indivíduo possui um alelo dominante em um *loco*, os alelos do outro *loco* são capazes de se expressar. Tomemos como exemplo a cor da pelagem de cães da raça Labrador: o gene "B" confere pelagem negra, o gene "b" pelagem marrom ou chocolate e o gene "e" possui efeito epistático sobre "B" e "b". Assim, genótipos "B_E_" apresentam pelagem de cor negra, "bbE_" pelagem marrom e "__ee", pelagem amarela.

Por fim, para <u>alelos múltiplos</u>, a herança é resultado de três ou mais alelos, que pertencem a um mesmo gene e que condicionam uma só característica.

É importante salientar que cada indivíduo tem apenas dois alelos, um de origem materna e outro de origem paterna. Dessa forma, esse fenômeno não é observado no indivíduo e sim na população. Por exemplo, a cor da pelagem em coelhos é determinada por quatro alelos: "C" (aguti ou selvagem), "C^{ch} " (chinchila), " C^h " (himalaio) e " C^a " (albino), sendo que "C" > " C^{ch} " > " Ch"> "Ca". Assim, o genótipo "CC", "CCch", "CCh" e "CCa" determinam o fenótipo aguti ou selvagem, "CchCch", "CchCh" e "CchCa", o fenótipo chinchila, "ChCh" e "ChCa", o himalaia e "CaCa", fenótipo albino.



Pesquise mais

Neste vídeo dos irmãos Hank e John Green você verá a explicação de conceitos importantes associados à genética mendeliana e exemplos relacionados à hereditariedade de características, tratados de forma simples e interativa.

CRASHCOURSE. Heredity: crash course biology#9.

Sem medo de errar

Você, agrônomo, é o responsável que trabalha com dados de marcadores moleculares obtidos pela genotipagem de indivíduos no Centro de Pesquisa em Genética e Melhoramento Vegetal (CPGMV), e tem a missão de auxiliar o programa de melhoramento genético da empresa Frutas do Nordeste. Você recebeu folhas para extração e genotipagem do DNA da matriz de maracujazeiro amarelo MA58 e de suas 80 progênies. Com os dados moleculares de 20 locos microssatélites, você selecionou aleatoriamente o loco PE23 para realizar sua primeira análise. Você verificou que das progênies, 42 apresentaram o genótipo 206/206, 26 o genótipo 206/198 e 12 apresentaram o genótipo 198/198. Sabendo que a matriz possuía todos os locos em heterozigose, então o genótipo da matriz MA58 é 198/206. Utilizando o teste de chi-quadrado para esse marcador - loco PE23 -, confirma-se que ele funciona realmente como um marcador genético? Aplicando o teste de chi-quadrado, a 5% de significância, a hipótese de segregação regular pode ser aceita?

Para solucionar esse caso, você deve, primeiramente, estabelecer as hipóteses estatísticas, sendo:

H₀: as proporções observadas não são diferentes das proporções esperadas.

H₁: as proporções observadas são diferentes das proporções esperadas.

Se a matriz é heterozigota e apenas dois alelos foram encontrados para esse loco, a proporção esperada para segregação regular é de 1:1, ou seja, um ou outro alelo será transmitido para próxima geração. Nesse caso, esperamos que a proporções dos genótipos estejam em conformidade com as proporções de Mendel: 1:2:1, conforme a primeira lei. Se esse loco segregar regularmente, o esperado é termos: $\frac{1}{4} \times 80 = 20$ progênies 206/206, $\frac{1}{2} \times 80 = 40$ progênies 206/198 e $\frac{1}{4} \times 80 = 20$ progênies 198/198.

Agora você deve tabelar os seus dados para calcular a diferença (Tabela 1.2).

Tabela 1.2 | Número de progênies com a proporção dos genótipos observados e esperados para o *loco* PE23

Genótipo	Observado	Esperado	Diferença d	$\chi^2 = \sum_{i=1}^n \frac{d^2}{e}$
206/206	42	20 (1/4)	22	24,2
206/198	26	40 (1/2)	- 14	4,9
198/198	12	20 (1/4)	- 8	3,2
Total	80	80	-	32,3

Fonte: elaborada pela autora.

Como o valor obtido para χ^2 foi maior que o valor tabelado – 3,84 – (Quadro 1.2), concluímos que devemos rejeitar a hipótese Hoe, portanto, esse loco não segrega de acordo com a primeira lei de Mendel. O valor tabelado de χ^2 foi obtido na tabela de chi-quadrado pelo cruzamento das informações de graus de liberdade (GL) e probabilidades. Em geral, trabalhamos com o nível de 5% de significância. Para calcular os graus de liberdade, subtraímos o número de classes que nós temos: como estamos estudando um loco com dois alelos e estamos verificando a segregação desses alelos, nosso número de classes é igual ao número de alelos, portanto, dois. Assim, G.L. é 2 - 1 = 1. Cruzando as informações do Quadro 1.2, chegamos ao valor crítico de 3,84. A partir da conclusão de rejeitar a hipótese Ho, devemos excluir esse loco das próximas análises estatísticas que iremos realizar, pois esse marcador não se comportou como um marcador genético, ou seja, esse marcador não se segregou de acordo com a lei Mendeliana. Essa exclusão é importante para evitar que esse marcador forneça informações irreais ou até mesmo inexplicáveis do ponto de vista biológico.

Finalizado esta etapa, você concluiu a análise preliminar para avaliar a qualidade genética do marcador molecular PE23. Faça o mesmo para os demais utilizados para genotipagem dos indivíduos de maracujazeiro

amarelo, do programa de melhoramento genética da empresa Frutas do Nordeste. Além disso, você aprendeu a mobilizar conceitos importantes nesta unidade para solucionar questões práticas dentro de um laboratório de análises moleculares, e poderá empregar esse conhecimento em diversas culturas no âmbito agronômico

Avançando na prática

Segregação independente entre dois locos

Descrição da situação-problema

Vamos imaginar o seguinte cenário: você é o agrônomo contratado pela empresa de sementes de plantas ornamentais Jade Vine, e trabalha na área de pesquisa em melhoramento genético. A equipe que trabalha no setor de produção de mudas enviou para o diretor da empresa uma reivindicação, devido à dormência de sementes da flor Rosális, a principal espécie comercializada. Os principais efeitos da dormência de sementes é a desuniformidade de germinação das plântulas e irregularidades na produção das mudas, o que afeta a entrega dos lotes comercializados. Para resolver isso, o diretor da empresa solicitou que você realizasse um levantamento sobre os genes que controlam a característica de dormência das sementes. Você encontrou na literatura científica que dois locos governam essa característica em sementes da flor Rosális e que as plantas homozigotas recessivas para os dois locos não possuem sementes com dormência. Por isso, você decide genotipar 80 indivíduos com locos microssatélites. Esses indivíduos são descendentes da principal matriz do jardim de plantas da Jade Vine. Com os resultados da genotipagem em mãos, você precisa verificar se esses locos estão ligados fisicamente (ligação genética). Essa constatação é importante, porque locos geneticamente ligados compartilham o mesmo bloco gênico no cromossomo, ou seja, muito provavelmente eles serão transmitidos juntos para próxima geração. Continuando com sua atribuição, você precisa averiguar se a segregação dos gametas da matriz de flor Rosális ocorre de modo independente e corresponde à proporção esperada em conformidade com a segunda lei de Mendel. Você irá utilizar o teste de chi-quadrado, com um nível de significância a 5%. Para proceder com essa verificação, você escolheu os Locos FR28 (180/192) e FR37 (168/178) da matriz, observando que das 80 progênies, 31 apresentaram o genótipo 180/168, 18 apresentaram o genótipo 180/178, 22 apresentaram o genótipo 192/168 e 9 apresentaram o genótipo 192/178. Diante do exposto, esses locos segregam de modo independente? Em caso de rejeição da hipótese, qual será sua sugestão para o diretor da Jade Vine?

Resolução da situação-problema

Para conseguir responder a esses questionamentos, você precisa começar formulando as hipóteses de segregação independente entre os *locos* FR28 e FR37 e tabelar seus dados (Tabela 1.3):

 $\rm H_{\rm 0}\!:$ as proporções observadas não são diferentes das proporções esperadas.

H₁: as proporções observadas são diferentes das proporções esperadas.

Tabela 1.3 | Número de progênies com a proporção dos genótipos observados e esperados para segregação dos *locos* FR28 x FR37

Genótipo	Observado	Esperado	Diferença (d)	$\chi^2 = \sum_{i=1}^n \frac{d^2}{e}$
180 x 168	31	45 (9/16)	- 14	4,36
180 x 178	18	15 (3/16)	3	0,60
192 x 168	22	15 (3/16)	[7]	3,27
192 x 178	9	5 (1/16)	[4]	3,20
Total	80	80	-	11,43

Fonte: elaborada pela autora.

A proporção esperada de acordo com a segunda lei de Mendel é de 9:3:3:1. Assim, por exemplo, a segregação entre os alelos 180 x 168 é de $80 \times \frac{9}{16} = 45$. O grau de liberdade é n -1, em que n é o número de níveis. Nesse caso, o número de níveis corresponde ao número de *locos* que estão sendo estudados (ou seja, 2). Portanto, com um nível de significância a 5% e 1 grau de liberdade, temos o valor critico de X² igual a 3,84 (Quadro 1.2). Como o resultado do teste de chi-quadrado foi 11,43 e maior que o valor crítico tabelado (3,84), rejeita-se a hipótese H0 e conclui-se que esses locos não segregam de modo independente, ou seja, os locos estão localizados no mesmo cromossomo em regiões muito próximas, o que caracteriza uma ligação física entre eles (compartilham o mesmo bloco gênico). Assim, no processo de crossing over, os dois locos serão repassados em conjunto para constituir o genótipo da célula gamética, portanto, não será possível selecionar as plantas que não apresentam dormência somente com base na segregação desses locos. Assim, sugere-se coletar as sementes das 80 progênies da matriz de flor Rosális e cultivá-las. A partir do plantio será possível identificar plantas que não apresentaram dormência. Caso não sejam detectadas plantas sem dormência, sugere-se ampliar a amostragem da coleta de sementes. Caso alguma planta

germine logo após o plantio, nela deve-se realizar novamente a coleta de sementes, cultivá-las e avaliar se suas progênies também deixaram de apresentar sementes com dormência, procurando a expressão fenotípica dessa característica.

Faça valer a pena

 ${f 1.}$ Mendel, em seus experimentos, conduziu diversos cruzamentos para características contrastantes, considerando, para elaborar a primeira lei, apenas uma característica. Durante esses experimentos, ele percebeu que a geração ${f F_2}$ mantinha as mesmas proporções fenotípicas, independentemente das características.

Mendel verificou que o cruzamento entre plantas de ervilha que possuíam a posição floral axial e a posição floral terminal produziram na geração F_2 , 651 plantas com flores axiais e 207 flores terminais.

Esse resultado está de acordo com qual proporção esperada por ele?

- a) 1:2:1.
- b) 2:1.
- c) 9:3:3:1.
- d) 3:1.
- e) 1:1.
- **2.** Muitas características de interesse agronômico como, por exemplo, produtividade de grãos, altura de plantas e peso de grãos são determinadas por vários genes. Esses genes podem apresentar interações alélicas entre si e entre o ambiente.

Vamos imaginar os experimentos de Mendel e considerar que os *locos* envolvidos estejam em homozigose: o cruzamento entre plantas de ervilha com flor púrpura e flor branca resultou na geração filial 100% de plantas com flores púrpuras.

Este é um caso de interação de que tipo?

- a) Epistasia.
- b) Dominância completa.
- c) Alelos múltiplos.
- d) Pleitropia.
- e) Dominância incompleta.
- 3.
 Em mamona, o genótipo Dr_ condiciona o fenótipo normal, ou seja, semente ovalada, germinação rápida, crescimento rápido, florescimento normal, muitas sementes e crescimento normal.
 Por outro lado, o genótipo drdr determina semente redonda,

germinação lenta, crescimento lento, florescimento tardio, poucas sementes e crescimento tipo moita (ANDRADE, 2009).

Esse fenômeno é de qual tipo de interação não-alélica?

- a) Genes modificadores.
- b) Epistasia homozigota × homozigota.
- c) Epistasia heterozigota × homozigota.
- d) Alelos múltiplos.
- e) Pleiotropia.

Introdução à genética de populações

Diálogo aberto

Olá, aluno! Você sabia que as populações constituem importantes unidades para seleção, seja ela natural ou artificial? Em espécies alógamas, ou seja, que realizam a reprodução preferencialmente por cruzamentos, um dos métodos mais utilizados para o melhoramento de populações é o de seleção recorrente. Nessa estratégia, o objetivo principal é concentrar alelos favoráveis a cada ciclo de seleção.

Sobre esse assunto, um fenômeno importante para ser estudado é o equilíbrio de Hardy-Weinberg. Apesar de ser associado a uma população idealizada, o modelo de equilíbrio permite estabelecer comparações com populações reais. Desse modo, é possível estudar fenômenos e entender como eles afetam a estrutura genética de uma população ideal e relacioná-los com a história evolutiva de uma população real. Para o melhoramento genético de populações e sob o ponto de vista prático, o equilíbrio de Hardy-Weinberg permite investigar as alterações nas frequências alélicas devido aos processos de seleção.

As frequências alélicas e genotípicas determinam a variabilidade genética, matéria-prima trabalhada pelos melhoristas para seleção de características de interesse agronômico. Essas frequências influenciam propriedades das populações e, consequentemente, interferem no ganho esperado com a seleção, a média e a variância genética. Dessa forma, você, engenheiro agrônomo e pesquisador do Centro de Pesquisas em Genética e Melhoramento Vegetal (CPGMV), deve compreender isso, pois tem o compromisso de auxiliar o programa de melhoramento genético de maracujazeiro amarelo da empresa Frutas do Nordeste e oferecer diretrizes para ela dar continuidade ao programa de melhoramento genético. Para isso, você dispõe de informações genéticas de uma população de 120 indivíduos de maracujá amarelo, que foram genotipados para 20 *locos* microssatélites.

Agora, imagine que você selecionou um *loco* para verificar se, sob a hipótese de cruzamentos aleatórios e, na ausência de fatores evolutivos, as frequências alélicas e genotípicas se mantêm constantes entre gerações. O *loco* escolhido foi o PE37 e ele apresenta dois alelos: 206 (p) e 232 (q). Sabendo-se que nessa população 55% dos indivíduos apresentam o genótipo 206/206, 35% o genótipo 206/232 e o restante possui o genótipo 232/232, é possível aceitar a hipótese de que a próxima geração dessa população estará em equilíbrio de Hardy-Weinberg para o *loco* em questão? Qual a implicação

dessa conclusão para o melhoramento genético da população de maracujazeiro amarelo? O que você recomendaria para empresa Frutas do Nordeste dar continuidade ao programa?

A partir desses conhecimentos, você mobilizará os conceitos de genética de populações, contabilizará as frequências alélicas e genotípicas e relacionará isso com o melhoramento genético, verificando se existem alterações nessas frequências, ou seja, se existe variabilidade genética de uma geração para outra para ser trabalhada pelo melhorista.

Não pode faltar

Somos mais de 200 milhões de brasileiros, em uma população que já ultrapassa sete bilhões de pessoas no mundo. Em termos agropecuários, nosso rebanho é de aproximadamente 218 milhões de bovinos e 40 milhões de suínos (IBGE, 2016; SUINOCULTURA, 2017), ambos das mais diversas raças, selecionadas para atender as demandas específicas do setor produtivo. O mesmo é válido para as culturas agrícolas, como soja, milho ou cana-de--açúcar. No entanto, estimar o tamanho populacional dessas culturas é algo muito mais complexo. Imagine agora em termos de espécies nativas. Como contar o número de indivíduos de uma população natural de araucária no estado do Paraná ou de uma espécie de bromélia na Mata Atlântica? De acordo com Borges (2014), entre os animais mais raros do mundo encontram-se a população de antílope branco e de leopardo-de-Amur, sendo que o primeiro representa um animal bem adaptado ao clima desértico e que apresentava exemplares por toda África, mas que, atualmente, é representada por uma população de apenas 300 indivíduos. O segundo, por sua vez, outro exemplo de espécie criticamente ameaçada de extinção, possui uma população com 50 indivíduos. Agora você pode se questionar: o que isso tem de relação com a genética?

Bom, a resposta é tudo e nada. Para explicar isso, vamos, antes, definir o conceito de população para a genética: é um conjunto de indivíduos da mesma espécie que ocupam a mesma área geográfica, apresentam uma continuidade no tempo e possuem a capacidade de se intercruzarem ao acaso (RAMALHO, 2012). Portanto, para a genética, o termo população representa coesão genética, ou seja, um conjunto de genes, com propriedades complexas e integradas. O indivíduo integrante dessa população tem importância efêmera, mas os alelos que ele possui e que serão repassados para a próxima geração são fundamentais.

Dessa forma, cada população contém uma informação genética que a caracteriza e é denominada pool gênico. Esse termo nos remete a um

reservatório ou um conjunto de genes que foi acumulado ao longo das gerações em virtude da ação dos fatores evolutivos que atuaram no processo de seleção daquela população naquele ambiente. Assim, a genética de populações é uma especialidade que tem o objetivo de estudar a quantidade e a distribuição da variabilidade genética, além da dinâmica dos processos evolutivos que afetam a população de uma espécie. No melhoramento genético, as populações correspondem, para muitos métodos, às unidades em que serão aplicadas as estratégias de seleção. Já para as populações naturais, referem-se aos processos de adaptação e sobrevivência a que foram submetidas, ao longo de gerações, resultando no aparecimento de raças locais e na especiação.

Os efeitos da seleção, seja ela artificial ou natural, que incidem sobre as populações não são influenciados pelo número de indivíduos que a compõem ou pelo tamanho populacional, mas sim, pelas propriedades genéticas, ou seja, pela estrutura genética populacional. Portanto, o que nos interessa não é o tamanho populacional, mas o tamanho efetivo populacional, ou seja, a representatividade genética daquela população. No entanto, o tamanho populacional pode servir como um alerta para o afunilamento da base genética, como ocorre para espécies ameaçadas de extinção. Reflita: um pequeno tamanho populacional está associado a uma menor quantidade de alelos; nesse caso, essa restrição representa baixa diversidade genética. Por outro lado, populações grandes podem apresentar indivíduos com a mesma constituição genética, e também baixa diversidade genética. Entretanto, em populações grandes, existe a probabilidade maior de um alelo estar presente e ser transmitido para a próxima geração, concorda?



Reflita

Vamos retornar ao exemplo do leopardo-de-Amur. Imagine que na população de 50 indivíduos, metade sejam fêmeas e metade sejam machos. Na melhor das possibilidades, cada macho cruza-se com uma fêmea diferente. Considere que não exista parentesco nessa população e desconsidere qualquer efeito de viabilidade que possa incidir sobre os gametas ou sobre a progênie. Para a próxima geração, considere que teremos, então, 25 descendentes e uma população de 75 indivíduos. Todos os alelos presentes na população de 50 indivíduos tiveram a mesma probabilidade de serem repassados para a próxima geração, mas perceba que na população de 75 indivíduos existe parentesco entre pais e filhos, ou seja, existem alelos idênticos por descendência. Com isso, a representativa genética dessa população pode ser menor, e isso tende a ser agravado ao longo de gerações. Agora, imagine que na população original tenha mais machos do que fêmeas. Você percebe que, dessa forma, teremos o parentesco entre irmãos? E se essa situação fosse o

inverso? Reflita sobre essas indagações e relacione o parentesco e o tamanho efetivo populacional, percebendo a vulnerabilidade genética a que as espécies ameaçadas de extinção estão sujeitas.

A forma como as populações estão estruturadas é determinada, principalmente, pelo sistema reprodutivo da espécie e por mecanismos ecológicos e evolutivos. A forma como os indivíduos ou a população recombina seus genes para formar a descendência influencia diretamente a coesão genética. Espécies autógamas, ou seja, que se reproduzem por autofecundação, possuem grande homogeneidade dentro da população. Apesar da homozigose completa, teoricamente, não ser atingida com sucessivas autofecundações, na prática a uniformidade fenotípica é obtida após cinco a oito gerações de autofecundação (BORÉM; MIRANDA, 2009). Assim, quase todos os *locos* encontram-se em homozigose e, portanto, o maior grau de diversidade genética ocorre entre populações. Por isso, para espécies autógamas, denomina-se "linhagem" uma população que foi submetida a várias gerações de autofecundação, e "população", quando temos uma mistura de linhagens.

Em contrapartida, para espécies alógamas – que se reproduzem, preferencialmente, por cruzamentos – a diversidade genética é maior dentro de populações e, portanto, a diferenciação entre as populações é menor. O entendimento dessas relações é importante para verificar a distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações, e fundamental para o melhoramento genético e a conservação dos recursos genéticos.

Outra importante consequência do sistema reprodutivo da espécie é a carga genética. Para as espécies autógamas, os alelos letais, semiletais e deletérios são expressos em homozigose e eliminados por vias seletivas. No entanto, para as espécies alógamas, esses tipos de alelos permanecem camuflados nos *locos* em heterozigose, conferindo elevada carga genética e depressão por endogamia.



Assimile

Vamos esclarecer conceitos importantes para genética de população? Variabilidade genética refere-se à quantidade de *locos* e alelos envolvidos na expressão de determinada característica, em uma população de uma espécie. Em geral, o centro de diversidade de uma espécie contém cultivares primitivas, parentes selvagens e híbridos naturais entre cultivares primitivos, representando fonte de variabilidade genética para os programas de melhoramento genético.

Depressão endogâmica é a perda de vigor na descendência ocasionada pela expressão de alelos letais, semiletais e deletérios, em homozigose,

devido à autofecundação ou cruzamento entre indivíduos parentes. Carga genética são os alelos letais, semiletais e deletérios que ocorrem no conjunto gênico da população.

Como vimos, a genética de populações fornece subsídios para o melhoramento genético e para compreensão de como a evolução se processou ao longo do tempo. Os princípios mendelianos se mantêm válidos, mas, neste momento, nosso estudo é dirigido no sentido de verificar os mecanismos de hereditariedade em nível de população. Assim, em vez de nos concentrarmos em um cruzamento, vamos ampliar nosso horizonte para as frequências alélicas, genotípicas e fenotípicas nas populações e quais são as forças capazes de alterá-las ao longo das gerações para todos os cruzamentos possíveis dentro da população.

Para acessar informações genéticas das populações e dos indivíduos que as constituem, foram desenvolvidas ferramentas poderosas, baseadas na genética molecular. Os marcadores moleculares foram desenvolvidos na década de 1980 e representaram um grande avanço para a ciência, com a mudança de paradigma da genética mendeliana para a genética genômica. Marcadores moleculares são empregados para detectar os polimorfismos em sequências específicas de DNA e permitem verificar diferenças genéticas entre os indivíduos de uma população e/ou entre populações, com base em número e frequências de alelos, níveis de heterozigosidade e endogamia. Com o uso de marcadores moleculares do tipo microssatélites, por exemplo, é possível estimar a diversidade genética que existe entre e dentro de populacões, o nível de parentesco entre indivíduos e como essas relações estão distribuídas no espaço, além de estimar parâmetros referentes ao sistema de reprodução e verificar a paternidade ou maternidade. As vantagens de utilização desse marcador incluem o elevado grau de polimorfismo, a natureza codominante e o multialelismo. Além desses, uma técnica mais recente tem despertado o interesse de geneticistas e melhoristas. Os SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) são marcadores baseados no polimorfismo de bases individuais ou únicas, resultantes de mutações ponto a ponto. A grande vantagem desses marcadores é que eles ocorrem em número ilimitado no genoma, em praticamente qualquer região de interesse, e são menos mutáveis, fazendo com que sejam mais estáveis que os microssatélites, sendo ótimos para estudo de caraterísticas genéticas complexas e para esclarecimento da evolução genômica. No melhoramento genético animal é frequente o uso de dezenas de milhares de marcadores SNPs empregados em SNP chips. Eles têm sido utilizados para seleção genômica ampla, um método que integra ferramentas da genética quantitativa e tecnologias genômicas, propiciando um avanço qualitativo em termos de avaliação genética. Com isso, a

eficiência na capacidade de predição de um genótipo em idade precoce, por exemplo, é muito maior e permite aumentar o ganho genético por unidade de tempo.

A variação e distribuição da variação nas populações são devidas a fatores que alteram as frequências alélicas e genotípicas. Esses fatores referem-se à **mutação, migração** (ou **fluxo gênico**), **deriva genética** e **seleção**. O conhecimento de cada fator é de suma importância para a história evolutiva das espécies e também para o trabalho do melhorista quanto ao entendimento dos efeitos de cada um nas propriedades genéticas das populações. Isso auxilia o planejamento e a execução das alterações genéticas que o melhorista deseja realizar no seu programa de melhoramento genético.

Agora, vamos estudar cada um dos fatores evolutivos, sendo importante salientar que a evolução ou a seleção artificial só se processam se houver alterações nas frequências alélicas do conjunto da população. Vamos a eles?

A mutação é o único meio para criação de variabilidade genética, devido ao surgimento de novos alelos em decorrência da troca, inserção ou deleção de algum nucleotídeo em uma sequência de DNA que codifica alguma função e expressa alguma característica no fenótipo. A mutação acontece ao acaso e em baixas frequências; a curto prazo, é pouco provável que a mutação altere a estrutura genética populacional, a menos que a população seja pequena e a frequência de mutação elevada. Além disso, nem sempre a mutação é transmitida para próxima geração e, no caso de mutantes deletérios, os indivíduos tendem a ser eliminados da população por vias seletivas. Como exemplo, podemos citar a mutação natural que ocorreu nas uvas brancas. Nesse caso, o gene que expressa a formação das sementes não é ativado no momento da formação do tegumento e, assim, as sementes ficam vestigiais. A identificação desse gene pode ser útil para manipulá-lo e aplicá-lo em outras variedades comerciais.

Por outro lado, a **migração** refere-se à entrada ou saída de alelos de uma população para outra. Ela também pode ser denominada fluxo gênico, e pode ocorrer por meio de sementes ou pólen, no caso das espécies vegetais. Nesse quesito, os agentes polinizadores e dispersores de sementes representam fundamental importância. A mistura de alelos altera a estrutura genética populacional e diversos fatores podem colaborador ou barrar o fluxo gênico. Por exemplo, temos populações da mesma espécie, geograficamente próximas, mas com alguma barreira impedindo o fluxo gênico, seja uma montanha, uma depressão do relevo ou um rio. Além disso, alterações climáticas podem afetar o sincronismo de florescimento – ambos podem contribuir para o isolamento reprodutivo da população.

Já a **deriva genética** são oscilações aleatórias nas frequências alélicas causadas por erros amostrais do conjunto gênico. Esse fator está associado, na maioria dos casos, a pequenas populações e podem resultar na fixação de um alelo e eliminação de outro. Com isso, é possível que a população original se divida em subpopulações ou raças locais. As consequências associadas são a redução do número de alelos e da heterozigosidade na geração descendente e o aumento do parentesco com o passar das gerações, resultando em aumento da endogamia e redução do tamanho efetivo populacional. A deriva genética pode ser causada pelo efeito gargalo e efeito fundador.

O efeito gargalo ocorre quando uma população se reduz drasticamente em uma geração, como o corte raso de uma população de árvores de ipê amarelo que estavam localizadas em um pequeno fragmento florestal, e que foi eliminada para a construção de um grande condomínio. Para a próxima geração, estarão disponíveis alguns poucos indivíduos que participarão do processo reprodutivo, reduzindo a variabilidade genética. Já o efeito fundador está relacionado ao estabelecimento de uma nova população a partir de poucos indivíduos fundadores. Para entender isso, imagine que o proprietário de um condomínio decidiu estabelecer uma nova população para compensar aquelas árvores de ipê que foram derrubadas anteriormente. Ele decide, então, realizar a coleta de sementes naqueles poucos indivíduos remanescentes e plantar nas redondezas do empreendimento. Assim, ele partiu de uma pequena porção da variabilidade genética disponível na população original para fundar uma nova população que poderá ter alelos fixados devido à deriva genética. Em ambos os casos, a população está condenada a longo prazo.

Por fim, a **seleção**, reconhecida como o principal fator atuante da evolução, é uma força determinística que favorece alguns indivíduos pela maior capacidade de sobrevivência e reprodução (aptidão). O favorecimento de indivíduos portadores de genes diferentes em ambientes diferentes altera as frequências alélicas das populações, produzindo diferenciação genética entre as populações. Destaca-se a importante contribuição de Charles Darwin, em seu livro *A origem das espécies e a seleção natural*, publicado em 1859, que propôs a teoria da Evolução. Importante destacar que seleção natural e evolução não são sinônimos, já que seleção natural é o mecanismo que permite que a evolução ocorra. Quer um exemplo de seleção? Um fato marcante para a cafeicultura brasileira foi a seleção de uma planta que originou a cultivar Mundo Novo. A partir dessa planta foram instalados experimentos para avaliação de suas progênies e, a partir de seleção, foi possível corrigir características, como plantas excessivamente altas e frutos malformados.



Pesquise mais

Prezado aluno, conheça um pouco da história de Charles Darwin, o cientista que revolucionou as teorias evolucionistas baseadas na seleção natural. Assista ao vídeo com especial atenção ao intervalo entre os minutos 16:35 e 28. Atente para as informações coletadas por Darwin em sua viagem.

TILLEY SURNAME. **Charles Darwin:** a origem das espécies e a seleção – desenhos animados em português completos.

A estrutura genética de populações pode ser estudada com base nas frequências alélicas e genotípicas. Na ausência dos fatores evolutivos que foram citados, as frequências alélicas e genotípicas não se alteram, e isso refere-se ao equilíbrio de Hardy-Weinberg. As frequências alélicas referem-se às proporções dos diferentes alelos que um gene possui na população. Por sua vez, as frequências genotípicas são as proporções dos diferentes genótipos que o gene possui. Em uma população suficientemente grande, em que os cruzamentos ocorrem de forma aleatória entre os indivíduos e na ausência de fatores evolutivos, o *pool* gênico é transmitido para a próxima geração, ou seja, as frequências alélicas e genotípicas não se alteram. A população que atende esses requisitos é denominada ideal ou panmítica. Na prática, esses requisitos dificilmente ocorrem na natureza. Apesar disso, o estudo da população idealizada nos permite realizar comparações com a população real que trabalhamos e, com isso, verificar os processos evolutivos que afetaram a estrutura populacional.

As frequências alélicas podem ser utilizadas para estimar a taxa de cruzamento em uma população e para predizer a composição genética de futuras gerações. Em geral, as frequências alélicas são mais úteis do que as frequências genotípicas. Isso porque os alelos representam a unidade de transmissão que liga uma geração à outra. Além disso, os alelos raramente sofrem mutação de uma geração para outra, sendo relativamente estáveis. Já os genótipos não são permanentes, pois passam pelos processos de segregação e recombinação a cada evento reprodutivo.



Exemplificando

Para exemplificar os cálculos das frequências alélicas e genotípicas, vamos utilizar uma característica condicionada por um *loco* com dois alelos, considerando ausência de dominância, para a cor da pelagem em suínos. Neste caso, três fenótipos são possíveis: branco (RR), marrom

(Rr) ou preto (rr). Vamos supor uma população de 1.000 animais, sendo:

- 300 animais de coloração branca = número de genótipos RR (N1).
- 500 animais de coloração marrom = número de genótipos Rr (N2).
- 200 animais de coloração preta = número de genótipos rr (N3).

Portanto, N1 + N2 + N3 = N_{τ} (número total). Ou seja, 300 + 500 + 200 = 1.000 animais. A frequência (proporção) genotípica é calculada da seguinte forma:

Frequência do genótipo RR (p^2) : D (dominante) = $\frac{N1}{N_{\tau}} = \frac{300}{1000} = 0.3$ Frequência do genótipo Rr (2pq): H (heterozigoto) = $\frac{N2}{N_{\tau}} = \frac{500}{1000} = 0.5$ Frequência do genótipo rr (q^2) : R (recessivo) = $\frac{N3}{N_{\tau}} = \frac{200}{1000} = 0.2$ Sendo que: D + H + R = 1.0 .

A partir desses dados, podemos determinar a frequência do alelo "R", que será representada por "p", e a frequência do alelo "r" que será representada por "q". Podemos escrever as frequências alélicas da seguinte maneira:

Frequência do alelo "R" =
$$p = \frac{(2 \times N1) + N2}{2 \times N_T} = \frac{N1 + (1/2 \times N2)}{N_T} = D + \left(\frac{1}{2} \times H\right) = 0.3 + \frac{1}{2} \times 0.5 = 0.55$$

Frequência do alelo "r" = $q = \frac{(2 \times N3) + N2}{2 \times N_T} = \frac{N3 + (1/2 \times N2)}{N_T} = R + \left(\frac{1}{2} \times H\right) = 0.2 + \frac{1}{2} \times 0.5 = 0.45$

Perceba que o número 2, que multiplica N1, N3 e $N_{\rm T}$, é necessário porque um indivíduo ("RR" ou "rr") possui dois alelos ("R" ou "r"). Atente também que a soma das frequências alélicas, independentemente do número de alelos que ocorre para o gene, é sempre igual a um. Isso é uma consequência da sua definição em termos proporcionais. O mesmo é válido para a frequência genotípica. Assim, as frequências alélicas e genotípicas devem sempre apresentar valores entre 0 e 1, sendo que frequências alélicas iguais a zero indicam que o alelo foi perdido e frequências alélicas iguais a um indicam que o alelo está fixado na população.

Diante do contexto que discutimos, você pode se perguntar: o que ocorre com essas frequências com sucessivas gerações de cruzamento ao acaso? Vamos considerar novamente o exemplo da cor da pelagem de suínos, a partir das frequências que foram calculadas.

Alelos: "R"
$$(p) = 0.55$$
; "r" $(q) = 0.45$. Portanto: " $p + q = 1$ ", ou " $p = 1 - q$ ", ou " $q = 1 - p$ ".

Para esse *loco*, podemos afirmar que são produzidos apenas dois gametas: ou com o alelo "R" ou com o alelo "r". O cruzamento ao acaso vai depender da combinação aleatória dos gametas, a qual são esperadas as frequências genotípicas, conforme a Tabela 1.6:

Quadro 1.3 | Frequências genotípicas esperadas na combinação aleatória dos gametas

	R (p)	r (q)
R (p)	RR (p×p)	Rr (p×q)
r (q)	Rr (p×q)	rr (q×q)

Fonte: elaborado pela autora

Dadas as frequências genotípicas RR =
$$(p \times p)$$
, Rr = $(p \times q)$ + $(p \times q)$ e rr = $(q \times q)$, temos "RR" = p^2 ; "Rr" = $2pq$; "rr" = q^2 , sendo $p^2 + 2pq + q^2 = 1$.

Dessa forma, em uma população idealizada, considerando um loco, na ausência de fatores evolutivos e independentemente da estrutura genética da população inicial, as novas frequências alélicas "p₁" e "q₁" são iguais a "p" e "q" da geração anterior, respectivamente. Portanto, sucessivas gerações de cruzamentos ao acaso não alterarão as frequências alélicas e, por conseguinte, as frequências genotípicas também serão mantidas. Esse é um dos fenômenos mais importantes para espécies alógamas e foi elaborado por Godfrey Hardy na Inglaterra, em 1908, e por Wilhelm Weinberg, na Alemanha, em 1909, em trabalhos independentes (BORÉM; MIRANDA, 2009). O equilíbrio de Hardy-Weinberg define que, em uma população alógama e infinita, as frequências alélicas permanecerão constantes. Algumas suposições devem ser assumidas para esse fenômeno se firmar, como: i) o acasalamento é aleatório e não existem subpopulações que diferem na frequência alélica; ii) as frequências alélicas são as mesmas para machos e fêmeas; iii) todos os genótipos são iguais em viabilidade e fertilidade; iv) não ocorre mutação; v) não existe migração; vi) a população é suficientemente grande para que as frequências alélicas não se alterem de geração para geração.

Dessa forma, se a população original apresentar variabilidade genética e estiver em equilíbrio de Hardy-Weinberg, a geração seguinte apresentará a mesma variabilidade. Para o melhorista, isso pode representar um entrave para seleção dos genótipos superiores, mas o equilíbrio é alterado pelos processos seletivos. No entanto, o equilíbrio pode ser restabelecido para melhorar a homogeneidade da população e obtenção de plantios mais estáveis. Assim, você é capaz de mobilizar conceitos importantes como estrutura populacional, tamanho efetivo, frequências alélicas, fatores que alteram o equilíbrio de Hardy-Weinberg, entre muitos outros.

As frequências alélicas e genotípicas determinam a variabilidade genética, matéria-prima trabalhada pelos melhoristas para seleção de genótipos com características de interesse agronômico. Você, engenheiro agrônomo e pesquisador do Centro de Pesquisas em Genética e Melhoramento Vegetal (VPGMV), tem o compromisso de auxiliar o programa de melhoramento genético de maracujazeiro amarelo da Frutas do Nordeste. Para isso, você dispõe de informações genéticas de uma população de 120 indivíduos, que foram genotipados para 20 locos microssatélites. Imagine que você selecionou um loco para verificar se, sob a hipótese de cruzamentos aleatórios e na ausência de fatores evolutivos, as frequências alélicas e genotípicas se mantêm constantes entre gerações. O *loco* escolhido foi o PE37 e apresenta dois alelos: 206 (p) e 232 (q). Sabendo-se que nessa população 55% dos indivíduos apresentam o genótipo 206/206, 35% o genótipo 206/232 e o restante possui o genótipo 232/232, é possível aceitar a hipótese de que a população está em equilíbrio de Hardy-Weinberg para o loco em questão? Qual a implicação dessa conclusão para o melhoramento genético da população de maracujazeiro amarelo? O que você recomendaria para empresa Frutas do Nordeste dar continuidade ao programa?

Considerando a segregação regular para o *loco* PE37 a proporção genotípica esperada é de 1:2:1. Sendo assim, são esperados 30 indivíduos com o genótipo 206/206 $\left(\frac{1}{4} \times 120 = 30\right)$; 60 indivíduos com o genótipo 206/232 $\left(\frac{2}{4} \times 120 = 60\right)$ e 30 indivíduos com o genótipo 232/232 $\left(\frac{1}{4} \times 120 = 30\right)$. Portanto, as proporções genotípicas esperadas e observadas são, respectivamente:

D (206/206) =
$$\frac{N1}{N_T} = \frac{30}{120} = 0,25; \frac{66}{120} = 0,55$$

H (206/232) =
$$\frac{\text{N2}}{\text{N}_{\text{T}}} = \frac{60}{120} = 0,50; \ \frac{42}{120} = 0,35$$

R (232/232) =
$$\frac{N3}{N_T} = \frac{30}{120} = 0.25; \frac{12}{120} = 0.10$$

Vamos agora estabelecer nossas hipóteses e tabelar nossos dados:

H₀: o *loco* está em equilíbrio de Hardy-Weinberg.

H₁: o loco não está em equilíbrio de Hardy-Weinberg.

Quadro 1.4 | Frequências esperadas e observadas para o loco PE37

Genótipos	Proporções		Diferença	Teste chi-qua- drado
	Observado	Esperado	O-E	$\chi^2 = \sum_{i=1}^n \frac{d^2}{e}$
206/206	$66 \div 120 = 0,55$	$30 \div 120 = 0,25$	[0,30]	0,36
206/232	$42 \div 120 = 0,35$	$60 \div 120 = 0,50$	-0,15	0,045
232/232	$12 \div 120 = 0,10$	$30 \div 120 = 0,25$	-0,15	0,09
Total	-	-	-	0,495

Fonte: elaborado pela autora.

Sendo assim, considerando o nível de significância de 5% e um grau de liberdade (temos dois níveis de classes = alelos), o valor de chi-quadrado é 3,841. Portanto, como o valor do teste de chi-quadrado foi 0,495 e, portanto, menor que o valor crítico tabelado de 3,841, nós devemos aceitar a hipótese H₀. Assim, o *loco* encontra-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg e a geração descendente não terá as frequências alteradas. Se esse for um *loco* ligado à produtividade ou associado a alguma característica importante, a empresa Frutos do Nordeste deve introduzir novos genótipos para recombinação entre os genótipos existentes para ampliar a variabilidade genética, uma vez que, sem alterações nas frequências alélicas, não há como conduzir o programa de melhoramento genético.

Avançando na prática

Resistência à doença

Descrição da situação-problema

O girassol é uma das oleaginosas mais importantes do mundo. As propriedades de seu óleo conferem alta qualidade para o consumo humano, sendo rico em ácido graxo linoléico, que pode prevenir doenças cardiovasculares. O óleo também pode ser utilizado para produção de biodiesel e o coproduto (torta) pode ser destinado para enriquecer com incremento energético a alimentação animal. O centro de diversidade dessa oleaginosa é indicado como sendo a região do México e sudoeste dos Estados Unidos.

Um dos maiores produtores mundiais de girassol é a Rússia e, nesse país, a seleção foi intensamente praticada, dando origem a um grande número de raças locais, caracterizadas pela ampla variabilidade genética. O girassol é uma espécie alógama e os principais objetivos do melhoramento genético são aumentar a produção de grãos e o rendimento de óleo. Você, agrônomo, trabalha em uma instituição de pesquisa de melhoramento genético que desenvolve sementes básicas de girassol para serem utilizadas por produtores da região de Mato Grosso. Sua instituição, a IPGIR (Instituição de Pesquisa de Girassol) recebeu o alerta dos produtores dessa região que uma nova doença foi detectada nos plantios em Mato Grosso. Você, com amplo conhecimento em genética de populações, foi escalado para fazer parte da equipe que buscará uma solução para esse novo desafio. No primeiro momento, a nova doença do girassol foi identificada e o principal sintoma refere-se ao tombamento da haste antes do florescimento da planta. No IPGIR, você e sua equipe dispõem das populações de girassol que são utilizadas para produção dos híbridos cultivados pelos produtores de Mato Grosso. Com essas informações, qual será sua primeira ação para buscar nas populações do IPGIR a resistência para essa nova doença do girassol? Imagine que na conclusão dessa ação não foi encontrada nenhuma fonte de resistência para a doença. Onde você buscaria variabilidade genética? No México ou na Rússia?

Resolução da situação-problema

Para você iniciar a busca pela fonte de resistência é necessário expor as populações de girassol ao patógeno. Assim, todos os genótipos devem receber o patógeno no período antes do florescimento, quando a doença ataca as plantas. Preferencialmente, o cultivo das populações deve ser realizado em casa de vegetação, em condições ótimas para o desenvolvimento do patógeno e infecção das plantas. A ação que deve ser tomada é a seleção das plantas com resistência ao patógeno. As plantas resistentes devem ser identificadas e suas sementes coletadas, para serem cultivadas e novamente expostas ao patógeno e selecionadas. Com a seleção de plantas resistentes à doença, os melhoristas da sua equipe podem incluí-las no programa de melhoramento genético para introduzir essa característica nos híbridos que são cultivados no Mato Grosso. Por outro lado, se não for identificada nenhuma planta com resistência é necessário introduzir novos genótipos para serem testados da mesma forma. Essa introdução deve priorizar as populações de girassol do México, o centro de diversidade da espécie, devido a adaptação delas a condições climáticas semelhantes às do Brasil. Apesar de a variabilidade das populações de girassol ser ampla, o clima temperado da Rússia é muito diferente do clima tropical, como verificado na região do Mato Grosso, e isso certamente comprometeria a produtividade desses genótipos no Brasil. Dessa forma, a seleção e adaptação da população são fundamentais no melhoramento genético.

Faça valer a pena

1. Nos Estados Unidos, o inverno incentiva um comportamento migratório em aves, sendo que um grande número delas migra para os estados do Sul que são mais quentes e retorna ao Norte a cada primavera. Esse evento altera a estrutura genética das populações de aves, alterando as frequências alélicas e genotípicas.

Quais são os fatores que refletem os processos evolutivos em uma população?

- a) Variação genética, fluxo gênico e mutação.
- b) Frequências alélicas, número de alelos e migração.
- c) Fluxo gênico, sistema de reprodução e parentesco.
- d) Seleção, migração, deriva genética e mutação.
- e) Variação genética, fluxo gênico e estrutura genética populacional.
- **2.** Em uma população de patos selvagens existem 200 indivíduos. A coloração das penas é determinada por um gene mutante que codifica uma proteína "S". Sabe-se que existem 60 genótipos de coloração normal "FF", 50 genótipos "SS" e o restante possui o genótipo heterozigoto. O alelo "F" é dominante sobre "S".

Quais as frequências de "F" e "S" na população de patos selvagens?

- a) 0,325 e 0,455, respectivamente.
- b) 0,525 e 0,475, respectivamente.
- c) 0,253 e 0,455, respectivamente.
- d) 0,625 e 0,255, respectivamente.
- e) 0,325 e 0,255, respectivamente.
- **3.** A cor do bulbo de cebolas é controlada por um gene, sendo Y responsável pela cor creme e y responsável pela cor branca, em dominância completa. Um agricultor colheu 20.000 sementes de uma população panmítica, sendo que 4.000 plantas eram de bulbo branco. Seu interesse é aumentar a proporção de plantas de bulbo branco e, para isso, ele misturou à sua população 5.000 sementes de uma cultivar de bulbo branca.

Qual é a nova frequência do genótipo "yy" de plantas de bulbo branco?

- a) 0,30.
- b) 0,25.
- c) 0,36.
- d) 0,15.
- e) 0,75.

Princípios de genética quantitativa

Diálogo aberto

Prezado aluno, você já ouviu dizer que os frangos de corte recebem uma quantidade enorme de hormônios e que isso pode ser prejudicial para nossa saúde? Desde o nascimento até atingir o peso ideal de abate, o frango de corte fica em média 45 dias confinado (AVICULTURA INDUSTRIAL, 2013). Essa agilidade despertou a curiosidade da população, e muitas empresas se beneficiaram do desconhecimento técnico para vender o "frango sem hormônio". Isso não passa de um grande mito. Não existe comprovação científica de que a aplicação de hormônio exógeno aumentaria o crescimento das aves, além de ser ilegal e inviável do ponto de vista econômico. Mas então por que o ciclo produtivo de frangos criados em granjas comerciais é tão rápido? Simples: melhoramento genético associado à nutrição equilibrada e à sanidade adequada. Ano após ano, são selecionados os melhores frangos, que ganham mais peso em um curto período de tempo. Assim, o desempenho zootécnico do frango dependerá do genótipo da sua linhagem e do ambiente ao qual está confinado, incluindo manejo nutricional, sanitário e instalações, o que possibilitará ou não a expressão do potencial genético do animal.

A maçã representa um outro exemplo de sucesso do melhoramento genético. O preço da fruta importada era demasiadamente elevado e de difícil disponibilidade nas feiras e mercados no Brasil. O primeiro estudo com essa cultura foi realizado por Albino Bruckner, em 1940, no estado de São Paulo. O agricultor recebeu sementes da Europa e, a partir das suas avaliações, selecionou um cultivar que, mais tarde, permitiria desenvolver outros cultivares, de modo a permitir o abastecimento do mercado brasileiro com maçãs vermelhas, suculentas, saborosas e de preço acessível (BORÉM; MIRANDA, 2009).

A seleção genética foi empregada pelo homem desde o início da domesticação dos animais e vegetais e, atualmente, ocorre com técnicas altamente avançadas de genômica. Vamos ver como isso acontece na prática, por meio da situação que você está vivenciando no Centro de Pesquisa Genética e Melhoramento Vegetal (CPGMV)? Você, que é agrônomo e pesquisador do CPGMV, recebeu a missão para auxiliar o programa de melhoramento genético que vêm sendo desenvolvido pela empresa Frutas do Nordeste, que busca produzir cultivares de maracujá amarelo para serem utilizados por agricultores da Bahia. Para colaborar com isso, você solicitou a genotipagem dos indivíduos de maracujá amarelo e a empresa também disponibilizou dados

quantitativos, relacionados à produção de frutos por planta. Da população de 120 indivíduos de maracujá amarelo, alguns apresentavam produção bem acima da média da população. Nesse caso, a seleção recorrente, um método de melhoramento genético bastante comum em plantas alógamas, poderia colaborar por aumentar, de forma gradativa, a frequência de alelos favoráveis para uma característica quantitativa na população. Você decide, então, imprimir uma intensidade de seleção de 20% sobre os 120 indivíduos da população, pois essa quantidade de indivíduos parece incluir todos aqueles que possuem maior média de produção. Ao analisar novamente os dados quantitativos, percebeu que a nova média da população melhorada seria de 42 kg de frutos por planta, em vez de 15 kg de frutos por planta, como a média geral da população original (sem seleção). É uma ótima oportunidade para seleção dos melhores indivíduos, mas, em contrapartida, você percebeu que algumas progênies se destacaram em relação às outras, sendo que para a próxima geração de melhoramento estariam disponíveis apenas nove das 30 progênies. Pela análise quantitativa dos dados, você verificou que a herdabilidade no sentido restrito para produção de frutos por planta era baixa e igual a 0,23. Qual seria o ganho de seleção esperado, aplicando a intensidade de seleção mencionada? Qual a implicação a longo prazo para o programa de melhoramento genético da Frutas do Nordeste, considerando a diversidade genética da população de maracujazeiro amarelo?

Ao final dessa seção, você, aluno, será capaz de mobilizar conceitos de parâmetros genéticos e estatísticos que são essenciais para seleção de características quantitativas e para aplicação dos métodos de melhoramento genético. Sua dedicação será fundamental para desbravar o dia a dia de um melhorista.

Pronto para eles?

Não pode faltar

Nós observamos, medimos ou classificamos as características que nos interessam melhorar nas plantas ou animais. Existem duas categorias que nos permitem fazer a distinção entre os indivíduos: as características qualitativas e quantitativas. As <u>características qualitativas</u> são aquelas que podem ser classificadas em poucas classes fenotípicas distintas e facilmente separáveis umas das outras. Essas características são de tipo, apresentam variação descontínua (poucas classes fenotípicas diferentes), são controladas por poucos *locos* gênicos, com efeitos pronunciados e que são pouco influenciados pelo efeito ambiental.

No entanto, várias outras características (inclusive a maioria das características de interesse agronômico e zootécnico) apresentam herança quantitativa. As <u>características quantitativas</u> são mensuráveis, apresentam variação contínua (muitas classes fenotípicas, as vezes sobrepostas), são controladas por muitos genes (poligenes), com pequeno efeito e muito influenciadas pelo ambiente.

A partir dessas definições você pode exemplificar características qualitativas e quantitativas? Recorda-se das ervilhas de Mendel? Sementes redondas ou rugosas, amarelas ou verdes, de flores brancas ou púrpuras, representam características qualitativas. Já a conversão alimentar de animais, a produção de frutos por planta, a altura de árvores, a produção de leite e o ciclo vegetativo são alguns exemplos que representam características quantitativas. Essa categoria não pode ser estudada como variáveis discretas, por isso elas são estudadas dentro de uma área especializada da genética, denominada de genética quantitativa, que, usualmente, emprega técnicas estatísticas para estimar parâmetros que buscam definir o comportamento geral de uma população.

A maioria da variação fenotípica observada em uma característica quantitativa se altera continuamente de um extremo para outro, sem intervalos definidos e claros. Híbridos entre dois parentais suficientemente divergentes podem gerar fenótipos extremos, devido a dominâncias e interações epistáticas (GUREVITCH; SCHEINER; FOX, 2009). Na genética quantitativa é comum trabalhar com progênies, grupo de indivíduos ou populações, pela grande variabilidade fenotípica dos indivíduos. Essa variação fenotípica pode ser devido à variação genética, do ambiente, da interação entre genótipo e ambiente e das interações gênicas.

Em um ambiente com condições homogêneas, as diferenças observadas refletem, principalmente, as diferenças genéticas entre os genótipos. Em uma população geneticamente heterogênea, comum nas espécies alógamas, as variações são ocasionadas pelos processos de recombinação e segregação. A variação no genótipo pode ser eliminada pelo estudo de linhagens endogâmicas, que são homozigotas para quase todos os *locos*, ou para progênie F_1 , obtida pelo cruzamento entre linhagens. Isso ocorre porque o cruzamento entre linhagens geneticamente divergentes, por exemplo, AA x aa, resulta em progênies heterozigotas para todos os *locos* em que as linhagens parentais se diferem (Aa).

Para facilitar nossa compreensão vamos utilizar dois exemplos, um com variação genética e outro com variação ambiental. Para o primeiro exemplo (variação genética), vamos considerar a altura de plantas de milho: em uma população grande, de polinização aberta, o intervalo de variação

dessa característica vai desde a planta mais baixa até a planta mais alta, por exemplo, de 1,60 m a 3,20 m. Dentro do intervalo de variação, existem diversas outras medidas para alturas de plantas (o número depende do tamanho da população), sendo que a maior concentração desses valores se encontrapróximo à média. Essa característica possui uma distribuição que caracteriza o comportamento geral da população, e a descrição dessa distribuição é feita, em geral, por dois parâmetros estatísticos básicos: a média e a variância. O uso de tabelas de distribuição de classes de frequência e gráficos de barras também são extremamente úteis para resumir as informações da população.

No segundo exemplo (variação ambiental), vamos imaginar um talhão de eucalipto plantado com um clone qualquer. Apesar de todos os indivíduos possuírem o mesmo genótipo, podem ser observadas diferenças fenotípicas entre os indivíduos no campo. Vamos eleger a altura total de plantas para exemplificar essa situação. O intervalo de variação para essa característica aos três anos de idade pode variar de 12,0 m e 16,9 m, com média de 15,6 m. As diferenças fenotípicas observadas podem ser resultado da expressão de genes altamente influenciados pelo ambiente: uma mancha de solo e fertilidade desigual, a incidência de chuva maior em uma região do talhão ou a retenção maior de umidade, o ataque localizado de alguma praga ou doença, enfim, vários fatores do ambiente podem influenciar a expressão do fenótipo).

Dessa forma, a variação fenotípica pode ter origem na variação genética ou na variação ambiental. Em razão disso, o modelo biológico utilizado para determinar esses efeitos sobre o fenótipo é determinado por F = G + A, em que F representa o fenótipo, G o efeito do genótipo, G o efeito do ambiente. Por enquanto, estamos desconsiderando a interação entre genótipos e ambientes (IGA), mas ela também é um fator que incide sobre o fenótipo e tem muita importância quando os ambientes são muito diferentes, como experimentos instalados em vários locais diferentes ou anos com condições climatológicas muito distintas.



Assimile

Na genética quantitativa busca-se determinar quanto da proporção da variação fenotípica se refere ao genótipo e quanto refere-se ao ambiente. No melhoramento genético, o componente genotípico representa o interesse para o melhorista, pois é ele que será repassado para a próxima geração, por isso é fundamental para esse profissional, pois reflete os métodos e estratégias de seleção.

Logo uma medida pura e simples de determinada característica em um indivíduo representa seu fenótipo, expresso pelo seu genótipo em um determinado ambiente. Como as características quantitativas são controladas por vários genes, influenciados pelo ambiente, é importante conhecer o tipo de ação gênica predominante, uma vez que, na prática, seria quase impossível obter essa informação para cada gene que atua sobre a expressão de determinada característica. Vamos imaginar que a característica produção de grãos de feijão é determinada por vários genes, cada um com pequeno efeito sobre essa característica. Nós vimos que os genes interagem entre si e com o ambiente. Considerando apenas a interação gênica, parece simples determinar o efeito de um gene que interage com o outro para determinar a produção, certo? Mas e para muitos genes? Como obter o efeito de cada gene com todos os demais, e depois, outro gene com todos os demais, e assim por diante? Parece algo bem mais complexo não é mesmo?

Basicamente, existem três tipos de ação gênica: a) aditiva: cada alelo contribui com um pequeno efeito fenotípico, o qual é somado aos efeitos dos demais alelos. Nesse caso, a média da geração F_1 é igual a média dos genitores cruzados; b) dominante: nessa situação é utilizada a contribuição de cada *loco* e não de cada alelo, sendo que o alelo dominante prevalece no valor de cada *loco* quando ele está presente, assim a média de F_1 pode ser igual ao valor de um dos pais dominante, porém será sempre diferente da média dos pais; e c) sobredominância: o desempenho do heterozigoto ultrapassa o limite dos homozigotos e, novamente, o valor do *loco* como um todo é contado para formar o fenótipo, assim, a média da geração F_1 é diferente da média dos genitores e, nesse caso, superior à média do melhor genitor.



Exemplificando

Vamos supor um *loco* Aa e, em termos numéricos, vamos adotar que o alelo "A" contribua com 40 unidades para o fenótipo e o alelo "a" contribua com 10 unidades. Assim, o genótipo "AA" terá o fenótipo de 80 unidades e "aa" terá 20 unidades. No caso, o heterozigoto (Aa) possui um valor fenotípico igual a média dos dois homozigotos parentais (50 unidades), conferindo ação do tipo aditiva (d = 0; sendo d, o efeito de dominância). Para ação de dominância do gene A sobre a, o genótipo aa permanecerá com 20 unidades e, tanto o AA como Aa terão o fenótipo de 80 unidades, caracterizando dominância completa (d = a, sendo a, o efeito aditivo). Por outro lado, com a ação de sobredominância, o valor fenotípico do heterozigoto, Aa, será maior que 80 (d > a).

Conhecer o tipo de ação gênica associada às características de interesse é importante para o trabalho do melhorista, pois permite estabelecer algumas

diretrizes para nortear as estratégias de seleção que são aplicadas para alcançar os objetivos do programa de melhoramento genético. Quando existe predominância da ação aditiva, o melhorista consegue distinguir melhor as diferenças genéticas entre os indivíduos, o que é importante para a seleção. A ação aditiva proporciona melhor resposta à seleção, uma vez que a descendência é semelhante aos seus genitores (genótipos selecionados). Por outro lado, a ação de dominância é importante para fixar genótipos superiores, quando for possível realizar a clonagem dos melhores indivíduos. Além disso, a ação de dominância e sobredominância permite explorar a obtenção de híbridos por meio da capitalização da heterose em cruzamentos específicos.

A heterose (h) representa o desempenho superior da geração F_1 em relação à média dos pais (P_1 e P_2):

$$h = F_1 - \frac{P_1 + P_2}{2}$$
.

A heterose representa pouco valor se o híbrido exceder apenas ligeiramente o desempenho dos parentais. Portanto, o ideal são valores elevados. A heterose pode ser positiva ou negativa, dependendo da característica de interesse para o melhorista. Assim, por exemplo, heterose positiva é desejada para característica como rendimento de grãos, enquanto a heterose negativa é desejada para redução do ciclo de produção da planta, ou seja, maturação precoce (ACQUAAH, 2012).

A heterose é conhecida também como vigor híbrido e seu efeito é oposto da depressão endogâmica. Seu efeito é observado para a maioria das espécies, incluindo as autógamas. A importância da heterose deslanchou os programas de melhoramento genético e provocou o desenvolvimento da indústria de sementes. A heterose é manifestada em várias características e, em especial, para produtividade. Como os caracteres quantitativos são controlados por muitos genes, um indivíduo (ou uma linhagem) com vários alelos dominantes em homozigose, quando cruzados com outro indivíduo ou linhagem com alelos recessivos, terá um grande número de *locos* em heterozigose (híbrido F_1) e, ocorrendo dominância ou sobredominância (acréscimo de F_1 acima dos pais homozigóticos), o desempenho de F_1 será superior ao dos seus genitores. Assim, a heterose do híbrido será maior quanto mais divergente geneticamente forem seus genitores (RAMALHO et al., 2012).

Por outro lado, a perda de vigor em F_2 e nas gerações subsequentes, quando autofecundadas, é decorrência da endogamia. Isso ocorre porque os *locos* em heterozigose em F_1 segregarão, e os alelos recessivos letais, semiletais e deletérios serão expressos em homozigose, resultando na depressão endogâmica. A endogamia pode ser causada por autofecundação e/ou cruzamentos entre indivíduos parentes. O coeficiente de endogamia refere-se à

probabilidade de que dois alelos em um indivíduo sejam idênticos por descendência. Como vimos na seção anterior, a carga genética em espécies autógamas é menor do que em alógamas, devido aos genes camuflados em heterozigose. Portanto, precisamos ficar atentos ao fato de que, a homozigose em si não determina a endogamia, mas a endogamia resulta em homozigose.

Você já ouviu que o casamento entre primos ou entre parentes próximos pode causar doenças genéticas nos filhos? No período dos grandes impérios, para não haver divisão dos reinos e das propriedades, os casamentos eram realizados entre nobres detentores do poder. Com o passar das gerações, a consanguinidade (endogamia) foi aumentando e, com isso, houve aumento da mortalidade infantil e incidência de crianças com deficiências física e intelectual. Em plantas, os efeitos prejudiciais da endogamia são conhecidos há muito tempo. Os efeitos podem estar associados à inviabilidade da semente, mortalidade da plântula, má formação, desenvolvimento lento, susceptibilidade a doenças, perda de vigor e fertilidade, entre outros.



Assimile

O parentesco entre indivíduos está associado a diversos efeitos em uma população e, principalmente, à redução do tamanho efetivo populacional e aumento da endogamia na geração descendente. No melhoramento genético, vários métodos de seleção utilizam progênies como unidades básicas de seleção, ou seja, direcionam para essas unidades as estratégias de seleção. O termo progênies é utilizado para referir-se à descendência e podem ser: meias-irmãs, quando o genitor materno ou paterno é o mesmo; irmãs-completas, quando o genitor materno e paterno é o mesmo; irmãs de autofecundação, quando são oriundas do processo de autofecundação do genitor materno; meias-irmãs endogâmicas, quando o genitor materno ou paterno é o mesmo e eles são parentes; ou irmãs-completas endogâmicas, quando o genitor materno e paterno é o mesmo e eles possuem algum grau de parentesco.

Como a análise das características quantitativas não é realizada com indivíduos isolados, mas com a população dos indivíduos, as descrições são realizadas em termos de parâmetros e estimativas de parâmetros. Entre eles, destacam-se a média, a variância e o desvio-padrão.

A **média** pode ser obtida por meio da mensuração de determinada característica em todos os indivíduos da população (censo, equivalendo à μ) ou por amostragem aleatória de indivíduos (equivalendo à \overline{x}). No primeiro caso, o valor calculado é o próprio parâmetro da população (estimador não viesado) e, no segundo, refere-se à estimativa do parâmetro. A média

da população ou amostra é a soma de todas as observações dividida pelo número delas, conforme a fórmula:

$$\overline{x} = \sum_{i=1}^{n} \frac{x_i}{n}$$
,

em que: x_i é a mensuração de "x" no indivíduo "i"; e "n" é o número de indivíduos.

Para o caso de dados agrupados em tabelas de distribuição de frequências, a média pode ser obtida ponderando-se o valor médio da classe pela sua frequência:

$$\overline{x} = \frac{\sum_{i=1}^{n} f_i x_i}{n},$$

em que: x_i é o ponto médio da classe de distribuição; f_i é a frequência da classe i e n é o número de indivíduos.

Já a **variância** é definida como a média das diferenças quadráticas de *n* valores em relação à média aritmética. Ela é caracterizada como uma medida de dispersão, cuja unidade é a mesma do conjunto de dados, elevada ao quadrado. Esse parâmetro é extremamente útil como medida de variabilidade, sendo popular em diferentes áreas. Como a variância pode ser considerada um valor médio dos desvios ao quadrado, ela também é conhecida como a soma do quadrado médio. A variância amostral pode ser calculada da seguinte forma:

$$s^{2} = \frac{SQ}{n-1} = \frac{\sum_{i=1}^{n} (x_{i} - \overline{x})^{2}}{n-1}$$

em que SQ é a soma do quadrado médio, obtida por análise de variância (ANOVA); n é o número de indivíduos; x_i é a mensuração de "x" no indivíduo "i"; \overline{x} é a média da característica x na população.

O **desvio-padrão** é a raiz quadrada da variância. Essa medida é expressa na mesma unidade de mensuração, e quanto mais próximo a zero maior é a concentração de dados em torno da média e, portanto, menor variabilidade. Sendo assim, quanto menor o valor do desvio-padrão, mais fidedigna é a média, ou seja, o valor de média é um bom representante do comportamento dos indivíduos da população. Assim, o desvio-padrão pode ser calculado como $s = \sqrt{s^2}$, em que s^2 é a medida de variância para característica em estudo.

Vamos ver, agora, a aplicação desses parâmetros estatísticos na genética quantitativa. Em uma população de média \overline{x} , a variação de cada valor fenotípico em relação a essa média é devido ao valor genotípico do indivíduo e ao ambiente onde ele se encontra. Da mesma forma, a diferença entre dois indivíduos é resultado tanto da diferença entre os dois genótipos como dos ambientes em que os dois se encontram – esse ambiente pode ser caracterizado por covas de plantio, por exemplo.

A partir do modelo biológico F = G + A + IGA, e identificando cada genótipo de uma população com o índice i e cada ambiente com o índice j, podemos escrever os componentes genéticos (g_i) e ambientais (e_j), de acordo com o seguinte modelo matemático:

$$x_{ij} = m + g_i + e_j + (ge_{ij}),$$

sendo que x_{ij} refere-se à mensuração do genótipo i no ambiente j; m é a média da característica para população e (ge_{ij}) representa a interação entre genótipo e ambiente, e será desconsiderada para fins didáticos. A letra "e" refere-se à palavra em inglês *environment* e significa "ambiente".

Para calcular a variância fenotípica da população por meio dos valores fenotípicos de x_{ii} podemos proceder do seguinte modo:

$$s_F^2 = s_G^2 + s_E^2$$
.

Assim, obtemos os componentes da variância fenotípica (s_F^2), desconsiderando a interação entre genótipo e ambiente, onde: s_G^2 é a variância genotípica e s_E^2 é a variância ambiental.

Podemos desdobrar também os componentes da variância genotípica. Os efeitos de g_i estão associados ao tipo de ação gênica predominante para a característica avaliada: aditiva, dominância ou epistática. Assim, a variância genotípica é composta pela variância genética aditiva (s_A^2), variância genética de dominância (s_D^2) e variância devido aos efeitos epistáticos dos genes (s_I^2). Assim: $s_G^2 = s_A^2 + s_D^2 + s_I^2$. Entre esses, a variância genética aditiva é o componente mais importante, pois é a causa de similaridade entre indivíduos parentes e é determinante no ganho obtido com a seleção. Por outro lado, como vimos, a variância de dominância é importante para predição de híbridos heteróticos (CRUZ, 2005).



Assimile

Híbridos heteróticos são obtidos a partir do cruzamento de linhagens de grupos heteróticos, ou seja, linhagens que possuem elevada divergência genética.



Exemplificando

Vamos considerar que a variância fenotípica para produção de frutos de laranja seja de oito unidades e a variância ambiental seja de seis unidades. Como $s_F^2 = s_G^2 + s_E^2$, então: $s_G^2 = s_F^2 - s_E^2$; $s_G^2 = 8 - 6$; \ldots $s_G^2 = 2$, ou seja, a variância genética é igual a duas unidades. No entanto, a variância genética é resultado, principalmente, da variância genética aditiva e

de dominância, desconsiderando os efeitos epistáticos. Assim, se a variância aditiva for 1,2 então a variância de dominância será de 0,8 unidades, pois: $s_D^2 = s_G^2 - s_A^2$; $s_D^2 = 2 - 1,2$ \therefore $s_D^2 = 0,8$.

Um parâmetro fundamental para o trabalho do melhorista, além da variação genética, é a herdabilidade, pois ela permite predizer a resposta de determinada característica mediante a aplicação de uma intensidade de seleção em uma população. A herdabilidade representa a proporção da variância fenotípica total que é de natureza genética, ou seja, é a porção herdável da variabilidade total. A herdabilidade não é apenas uma propriedade de uma característica, pois ela também é determinada pelas condições ambientais que incidem sobre os indivíduos. Por exemplo, a herdabilidade para a característica produtividade de feijão pode variar, inclusive, se os experimentos forem plantados na mesma área, porém, em safras diferentes (verão, inverno e seca), pois as condições climáticas não são as mesmas. Assim, as condições ambientais que incidem sobre os genótipos são diferentes, afetando a expressão do fenótipo, a refletir na magnitude da herdabilidade. Considerando-se que o valor da herdabilidade depende dos componentes de variância fenotípicos, genotípicos e ambientais, qualquer alteração em um deles afetará sua magnitude.

O coeficiente de herdabilidade pode ser representado no sentido restrito (h_a^2) (ou individual), ou no sentido amplo (h_g^2). A herdabilidade no sentido amplo considera todos os componentes da variância genética (s_G^2), portanto, $s_G^2 = s_A^2 + s_D^2 + s_I^2$. Já a herdabilidade no sentido restrito considera apenas a variância genética aditiva (s_A^2) e representa maior importância para o melhoramento genético, visto que ela se refere ao efeito aditivo dos genes. O coeficiente de herdabilidade varia de zero a um, sendo que, valores de $h_2 < 0.1$ se referem à herdabilidade baixa, entre $0.1 < h_2 < 0.3$, herdabilidade média e, valores de $h_2 > 0.3$ são considerados como alto.

Perceba que herdabilidade baixa está associada à maior variância fenotípica em relação à variância genética, o que representa um empecilho ao trabalho do melhorista, visto que seu interesse está nas diferenças genéticas. Nesse caso, a correlação que existe entre fenótipo e genótipo é baixa. Por outro lado, herdabilidade de alta magnitude representa que a variância genética se sobressai à variância fenotípica, o que facilita a seleção pelo melhorista, pois a correlação entre fenótipo e genótipo é elevada e, portanto, o fenótipo reflete bem o genótipo. Os coeficientes de herdabilidade, nos sentidos restrito e amplo, podem ser calculados da seguinte forma:

$$h_a^2 = \frac{s_A^2}{s_E^2}$$
 (herdabilidade aditiva ou no sentido restrito)

$$h_g^2 = \frac{s_G^2}{s_E^2}$$
 (herdabilidade no sentido amplo)

É relevante ressaltar que as estimativas de herdabilidade fornecem uma indicação relativa do controle genético do caráter, não devendo ser interpretada como valor absoluto, até porque ela é um fator variante de acordo com a característica estudada, a espécie, idade e condições ambientais.

O melhoramento genético, em uma definição bastante simples, é a concentração de alelos favoráveis em um indivíduo ou uma população. Por meio de cruzamentos adequados, conseguimos concentrar esses alelos. Isso pode ser realizado por meio da obtenção de híbridos, intercruzamento dos melhores indivíduos de uma população variável e introdução de genes por meio de técnicas de engenharia genética. Partindo-se de uma população de média M, são selecionados os melhores indivíduos e a nova média da população melhorada passa a ser M_s. Vale destacar que os melhores indivíduos dependem da característica alvo do programa de melhoramento genético. Assim, os melhores indivíduos podem ser aqueles que apresentam produtividade acima da média ou indivíduos que possuem menor média em relação ao ciclo produtivo, como o grupo de maturação precoce. Definir quem são os melhores indivíduos é tarefa do melhorista, que deve observar com cuidado seu material e considerar também outras características importantes para cultura, como resistência a pragas e/ou doenças.

Após a seleção dos melhores indivíduos, eles são recombinados e formam uma nova população que possui média M₁. Essa média não será igual a M₂ pois apenas os efeitos genéticos (aditivos) são transmitidos para a próxima geração e os efeitos ambientais não são repassados. O progresso com a seleção é determinado pelo diferencial de seleção (M_s-M_o) e da herdabilidade da característica considerada. Esse esquema é bastante utilizado no melhoramento de populações e conhecido como método de seleção recorrente. O melhorista pode repetir quantas gerações forem necessárias até que seu objetivo seja alcancado.



A seleção é uma força direcional e determinística; no melhoramento genético, a seleção privilegia os genótipos com melhor desempenho e, para que o melhorista possa trabalhar, é necessário que exista variação genética. Assim, como será o comportamento da variação genética ao longo das gerações com o avanço dos ciclos seletivos? Qual cuidado o melhorista deve ter para evitar o afunilamento da base genética?

Uma grande contribuição da genética quantitativa é a possibilidade de estimar o ganho genético com a seleção. De modo simples, o progresso genético obtido com o emprego de determinada estratégia de seleção pode ser estimado com a expressão:

$$G_{\rm s}=d_{\rm s}\times h^2$$
 ou $G_{\rm s}(\%)=\frac{d_{\rm s}\times h^2}{M_{\rm o}}\times 100$,

em que: d refere-se ao diferencial de seleção, obtido pela diferença entre a média da população selecionada (M_s) e a média da população original (M_a); h^2 é a herdabilidade, que pode ser tanto no sentido amplo como no sentido restrito, a depender do objetivo do melhorista, no caso de, seleção concentrando todos os efeitos genéticos (h_a^2), por exemplo, na clonagem, ou apenas os efeitos aditivos (h_a^2), como no caso da seleção para recombinação dos melhores indivíduos. É importante salientar que a seleção de indivíduos é indicada para o caso de características de alta herdabilidade. Em caso contrário, deve-se optar pela seleção de progênies ou indivíduos dentro de progênies, em função da maior acuidade dos resultados com base nessas médias em vez da média de indivíduos.

Para estimar a diversidade genética (D), conceito importante para evitar o afunilamento da base genética com ciclos seletivos contínuos ou com intensidades de seleção elevada, utiliza-se a expressão:

$$D = \frac{F_{\rm S}}{F_{\rm O}} ,$$

em que F_s representa o número de famílias (progênies) efetivamente selecionadas e F_0 o número de famílias original do teste de progênies.



ExemplificandoEstimando o ganho genético

Vamos imaginar que a média geral de uma população para uma característica qualquer seja de dez unidades, e que após a seleção dos melhores indivíduos, a média da população selecionada passou para 30 unidades. Considerando que a herdabilidade para essa característica seja de 0,15, teríamos um ganho de seleção ou progresso genético de:

$$G_{\scriptscriptstyle S} = (30-10) \times 0,15 = 3,0 \text{ unidades}$$
 , ou então

$$G_s(\%) = \frac{(30-10)\times0,15}{10}\times100 = 30\%$$

O ganho genético demonstra que, se os melhores indivíduos forem selecionados e que o processo de reprodução ocorre somente entre eles, espera-se que a média da próxima geração tenha média de 3,0 unidades acima da média da população original, que era de 10 unidades, e que esse aumento representa 30%.

Estimando a diversidade genética

Vamos imaginar o seguinte: tínhamos uma população com 80 progênies, mas, após a seleção, permaneceram apenas dez progênies, ou seja, essas dez progênies possuem um desempenho muito superior às demais, mas fazer esse afunilamento pode representar perda de diversidade genética. Veja:

$$D = \frac{10}{80} = 0,125 \text{ ou } 12,5\%$$

Possuíamos a representatividade genética de 80 progênies, ou seja, 100%. Quando selecionamos as dez melhores, passamos a ter 12,5%, uma redução de 87,5% da diversidade genética da população original. Aluno, perceba que nós estamos nos referimos à diversidade genética em termos quantitativos e não em termos de alelos que estão presentes na população ou heterozigosidade. Portanto, não confunda o cálculo deste parâmetro com aqueles obtidos com o uso de marcadores moleculares, que acessam diretamente a variabilidade das sequências de DNA.

Diante do cenário da genética quantitativa que foi exposto a você, fica evidente a importância e contribuição dessa especialidade da genética para o melhoramento de plantas e animais. Os conceitos e princípios assimilados por você serão fundamentais para nossa próxima unidade, que englobará os principais métodos de melhoramento genético de plantas.



Pesquise mais

Prezado aluno, o livro *Melhoramento de Plantas* (BORÉM; MIRANDA, 2009) traz, das páginas 27 a 37, os principais avanços do melhoramento genético para espécies de maior interesse agronômico.

Outra sugestão é o vídeo do professor Antonio Magno Ramalho, que traz o interessante exemplo de introdução da soja no Brasil. Assista ao vídeo entre 27min e 30 min 05s.

JAMILJIRAL. Genética e melhoramento de plantas e produção de alimentos – Magno Ramalho UFLA.

Sem medo de errar

Você, pesquisador do Centro de Pesquisa em Genética e Melhoramento Vegetal (CPGMV), foi indicado para auxiliar o programa de melhoramento genético de maracujá amarelo da empresa Frutas do Nordeste. Atendendo ao seu pedido, a empresa realizou a genotipagem da população e lhe enviou os dados quantitativos para a característica relacionada à produção de frutos por planta. Você sabe que a média da população de 120 indivíduos era de 15 kg de frutos por plantas, e que com 20% de intensidade de seleção, ou seja, seleção dos melhores 24 indivíduos, a média da população selecionada passará para 42 kg de frutos por planta. Com esses dados, calculamos o diferencial de seleção: $d_s = M_s - M_o$; $d_s = 42 - 15 \therefore d_s = 27$ kg de frutos/planta .

Conhecendo a herdabilidade no sentido restrito, podemos calcular o ganho genético ou progresso de seleção: $G_s = d_s \times h_a^2$; $G_s = 27 \times 0.23$ \therefore $G_s = 6.21$ kg/planta.

Assim, com a seleção dos melhores indivíduos é esperado um acréscimo de 6,21 kg/planta na média geral da população. Em termos de porcentagem, esse valor representa $G_s(\%) = \frac{6,21}{15} \times 100 = 41,4\%$ e, portanto, essa seleção deverá proporcionar um ganho bastante expressivo em termos de produção de frutos por planta. Em relação à diversidade genética, sabemos que entre os 120 indivíduos tínhamos 30 progênies diferentes e que, com a seleção, esse número será reduzido para nove. Portanto, a diversidade genética após a seleção será de $D = \frac{F_s}{F} = \frac{9}{30} = 0,30$ ou 30% . A implicação disso a longo prazo reflete o afunilamento da base genética, pois um número grande de famílias (progênies) será perdido. Assim, é preciso alertar a empresa Frutas do Nordeste sobre esse afunilamento, que deverá reduzir a variabilidade genética geração após geração, e poderá resultar em ganhos incipientes no futuro.

Diante dos conteúdos que você analisou, é preciso informar os dirigentes da empresa Frutas do Nordeste sobre esses resultados. Assim, elabore um relatório técnico com os principais resultados obtidos por você diante destas três situações.

Avançando na prática

Seleção fenotípica

Descrição da situação-problema

Você, agrônomo, é melhorista de uma empresa que produz sementes híbridas de melancia. Imagine que você possui uma população de plantas de melancia que apresenta muitas diferenças fenotípicas e, em razão disso, supõe que existe variabilidade genética. No entanto, essa população não possui identificação de progênies, dificultando a estimativa da variância genotípica. Você, impressionado com a produção de algumas plantas, decide instalar essa população com suposta variabilidade genética em um Lote A,

mas precisa verificar se as diferenças fenotípicas observadas refletem, de fato, as diferenças genéticas. Para isso, você decide instalar uma linhagem pura de melancia (genótipos idênticos) em um Lote B. Seu cuidado é para que os lotes sejam instalados no campo no mesmo dia, bem próximos um do outro, de modo que eles também recebam o mesmo manejo quanto à nutrição e irrigação. Após a colheita das melancias, você analisou previamente os dados para produção de frutos por planta. Para o Lote A você verificou que a média para essa característica foi de 6,5 kg de frutos por planta e para o Lote B foi de 5,2 kg por planta. A variância fenotípica foi de 4,76 para o Lote A e 0,66 para o Lote B. Com base nessas informações, é possível afirmar que você pode realizar a seleção com base no fenótipo, ou seja, a seleção pode ser feita diretamente para os indivíduos mais produtivos? Qual a implicação da sua conclusão para o melhoramento genético?

Resolução da situação-problema

Para o Lote A, que você, supõe haver variabilidade genética, temos média de produção de 6,5 kg de frutos por planta e variância fenotípica de 4,76. Para o Lote B, que você supõe não haver variabilidade genética, temos média de produção de 5,2 kg de frutos por planta e variância fenotípica de 0,66. Para o Lote B, como se trata de uma linhagem pura, com plantas geneticamente idênticas, toda variância fenotípica deve-se à variância ambiental e, portanto, 0,66. Como os lotes receberam o mesmo manejo nutricional e de disponibilidade hídrica, essa variância ambiental é a mesma que incide sobre o Lote A. Sendo assim, como $s_F^2 = s_G^2 + s_E^2$, temos que: $s_G^2 = s_F^2 - s_E^2$; $s_G^2 = 4,76-0,66$ $\therefore s_G^2 = 4,10$ (variância genética). Calculando a herdabilidade no sentido amplo para essa característica, obtemos: $h_g^2 = \frac{s_G^2}{s_F^2} = \frac{4,10}{4,76}$. $h_g^2 = 0,86$ (herdabilidade no sentido amplo). Como a relação entre a variância genética e a variância fenotípica é elevada, você pode realizar a seleção no Lote A, pois, de fato, muito da variabilidade fenotípica observada é de origem genética.

Faça valer a pena

1. O melhoramento genético representa uma das maiores contribuições da ciência para revolucionar a agropecuária. O Brasil ocupa uma posição de destaque, em especial no melhoramento genético animal. A pesquisa trabalha para melhorar características por meio do cruzamento entre raças, aumentando o ganho em rusticidade, resistência a doenças e parasitas, desempenho, eficiência e qualidade do produto final.

O sucesso do melhoramento genético depende especialmente de quê? Assinale a única alternativa correta:

- a) Variação fenotípica.
- b) Sobredominância.
- c) Variação genética.
- d) Disponibilidade de recursos.
- e) Ganhos de seleção.
- **2.** A herdabilidade representa o alicerce que sustenta a estrutura em um programa de melhoramento genético. Por meio dela, o melhorista pode predizer a resposta de uma determinada característica sob seleção e eleger o método de melhoramento genético mais adequado. Imagine que a variância fenotípica para altura de inserção da primeira espiga em uma população de milho é 60 e a variância aditiva e de dominância é de 15 e 13, respectivamente.

Desconsiderando os efeitos epistáticos e a interação entre genótipo e ambiente, qual o valor da herdabilidade no sentido amplo?

- a) 1,00.
- b) 0,25.
- c) 0,57.
- d) 0,22.
- e) 0,47.
- **3.** Uma população possui cinco classes de distribuição de frequências para a característica peso de 100 sementes. Os intervalos de classes e número de indivíduos dentro de cada classe é de, respectivamente: 1,59 a 1,65 g (2); 1,65 a 1,71 g (2); 1,71 a 1,77 g (20); 1,77 a 1,83 g (8) e 1,83 a 1,89 (4).

Qual a média dessa população?

- a) 1,65.
- b) 1,76.
- c) 2,36.
- d) 1,02.
- e) 1,56.

ACQUAAH, G. Principles of plant genetics and breeding. 2. ed. Chichester: John Wiley & Sons, 2012.

ANDRADE, J. A. C. **Apontamentos de Genética**. Apontamentos de aula para o Curso de Agronomia e Zootecnia da FEIS/UNESP, fev. 2009. Disponível em http://www.feis.unesp.br/Home/departamentos/biologiaezootecnia/apontamentos-de-genetica.pdf. Acesso em: 26 set. 2018.

AVICULTURA INDUSTRIAL. **Etapas do manejo de frango de corte**. 7 mar. 2013. Disponível em: https://www.aviculturaindustrial.com.br/imprensa/etapas-do-manejo-de-frango-de-corte/20130307-090133-h028. Acesso em: 8 out. 2018.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. rev. e ampl. Viçosa: Editora UFV, 2009.

BORGES, Cláudia. **Conheça os 10 animais mais raros do mundo**. Mega Curioso, 18 ago. 2014. Disponível em https://www.megacurioso.com.br/animais/45316-conheca-10-dos-animais1-mais-raros-do-mundo.htm. Acesso em: 19 set. 2018.

CONSOLARO, A. et al. Conceitos de genética e hereditariedade aplicados à compreensão das reabsorções dentárias durante a movimentação ortodôntica. **R Dental Press Ortodon Ortop Facial**, Maringá, v. 9, n. 2, p. 79-94, 2004. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1415-5419200400020009&script=sci_abstract&tlng=pt. Acesso em: 1 nov. 2018.

CRUZ, C. D. Princípios de genética quantitativa. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, 2005.

GUREVITCH, J.; SCHEINER, S. M.; FOX, G. A. Ecologia vegetal. 2. ed. Porto Alegre: Artmed, 2009.

HARTL, D. L.; JONES, E. W. **Genetics:** principles and analysis. 4. ed. Sudbury: Jones and Bartlett Publishers. 1998.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Tabela 3939** – efetivo dos rebanhos, por tipo de rebanho. Brasília. 2016. Disponível em https://sidra.ibge.gov.br/tabela/3939#resultado. Acesso em: 19 set. 2018.

PORTIN, P.; WILKINS, A. The evolving definition of the term "gene". **Genetics**, Rockville, v. 205, n. 4, p. 1353-1364, 2017. Disponível em: doi.org/10.1534/genetics.116.196956. Acesso em: 20 ago. 2018.

RAMALHO, A. M. P. et al. Genética na agropecuária. 5. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012.

SNUSTAD, D. P.; SIMMONS, M. J. **Fundamentos de Genética**, 7. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2017.

SOUZA, N. R. **Processos genético-evolutivos e os recursos fitogenéticos**. Disponível em: https://www.inpa.gov.br/cpca/charles/pdf/NSousa_Cap1.pdf. Acesso em: 6 set. 2018.

SUINOCULTURA INDUSTRIAL. **Plantel de suínos chega a quase 40 milhões de cabeças**. 2018. Disponível em: https://www.suinoculturaindustrial.com.br/imprensa/plantel-de-suinos-chega-a-quase-40-milhoes-de-cabecas/20170928-155513-r601. Acesso em: 26 set. 2018.

ZICA, J. P. U. A crise do conceito de gene. **Pólemos**, Brasília, v. 2, n. 4, dez. 2013. Disponível em: http://periodicos.unb.br/index.php/polemos/article/viewFile/10485/7679. Acesso em: 3 dez. 2018.

Métodos de melhoramento genético vegetal

Convite ao estudo

Prezado aluno, a Unidade 2 abordará os métodos de melhoramento genético vegetal. Essa importante ciência busca alterar as características das plantas para torná-las mais úteis, tanto para o agricultor como para o consumidor e/ou a indústria. Não menos importante é a missão que o melhoramento genético ainda possui: proporcionar incrementos contínuos em produtividade e qualidade para atender a demanda por alimentos da crescente população mundial, aliados aos princípios da sustentabilidade e proteção dos recursos naturais.

Vamos fazer uma reflexão sobre a presença do melhoramento genético de plantas no seu dia a dia. Nossas frutas e verduras, além de tantas outras espécies, foram modificadas geneticamente ao longo da história da agricultura. E não pense que os orgânicos estão fora disso, ou que essa modificação está associada à biotecnologia. Os formatos, cores e sabores das cultivares que nós consumimos atualmente são bem diferentes daqueles no seu estado selvagem. Isso é resultado dos processos de seleção, sendo que não há nenhum efeito maléfico nisso, muito pelo contrário. O que você acha sobre a adaptação de frutas de clima temperado às condições tropicais? A maior durabilidade das hortaliças nas prateleiras dos supermercados? A praticidade da melancia baby? A redução do ciclo de produção da cenoura? Esses exemplos permitiram aliar aumento de produção e redução dos custos, de modo a facilitar o acesso dos consumidores e baratear os produtos.

Nesta unidade, você compreenderá os principais métodos de melhoramento genético vegetal e os efeitos da interação entre genótipos e ambientes para recomendação agronômica. Isso fará com que você possa se familiarizar com a rotina de trabalho de um melhorista que atua com plantas autógamas ou alógamas e qual a importância da recomendação adequada de cultivares de acordo com a região de cultivo. O desenvolvimento de cultivares produtivas é o principal objetivo nos programas de melhoramento genético vegetal e estima-se que mais da metade do aumento em produtividade das espécies de interesse agronômico seja resultado dos avanços dessa ciência. No entanto, outros desafios do campo devem ser considerados, como resistência a pragas, a doenças e ao déficit hídrico, em especial, quando se trata do plantio em novas fronteiras agrícolas.

Sobre esse assunto, vamos, então, imaginar o seguinte cenário: você, engenheiro agrônomo, foi recentemente contratado por uma grande empresa de melhoramento genético vegetal, a *Crop Breeding* do Brasil. Sua responsabilidade é atuar efetivamente na condução dos programas de melhoramento genético de <u>soja e milho.</u> Essas duas culturas representam importância econômica fundamental para a nova fronteira agrícola, conhecida como MAPITOBA, região onde a filial da *Crop Breeding* passou a atuar e que, agora, conta com sua experiência como melhorista. Essa região engloba áreas nos estados do Maranhão, Piauí, Tocantins e Bahia, e o relevo do local é propício à mecanização, sendo que as características de solo e o regime de chuvas são favoráveis, o que contribui para o crescimento na produção de grãos bem acima da média nacional. Apesar disso, as áreas de MAPITOBA não são homogêneas e verificam-se diferenças, principalmente, quanto ao tipo de solo e à distribuição pluviométrica.

A *Crop Breeding* é uma empresa consolidada e possui centros de pesquisa em melhoramento genético espalhados por todo o Brasil, mas a filial para a qual você trabalha foi recentemente inaugurada. Nesse contexto profissional, você deve dispor de base genética para dar início ao seu trabalho como melhorista de soja e milho e, assim, desenvolver cultivares produtivos e específicos para sua região de atuação. Onde você buscará variabilidade genética para dar início ao seu programa de melhoramento genético? Quais serão as estratégias adotadas para conduzir o programa de cada cultura? Como você poderá lidar com os desafios da interação entre genótipos e ambientes? Esses e outros desafios serão resolvidos por você durante a Unidade 2!

Métodos de melhoramento de plantas autógamas

Diálogo aberto

O melhoramento genético permitiu várias contribuições para o setor agropecuário brasileiro que geraram riqueza, permitindo que esta fosse distribuída para a sociedade de diversas formas. Em termos gerais, o processo para o desenvolvimento de uma cultivar melhorada se inicia com o cruzamento entre dois genitores de alto desempenho para as características de interesse, avaliando e selecionando a(s) progênie(s) que se mostrou(aram) superior(es), confirmando essa superioridade em ensaios comparativos de produtividade, avaliando a estabilidade e adaptabilidade da cultivar na região de cultivo. Para a soja, por exemplo, o melhoramento possibilitou que cultivares adaptadas a altas latitudes fossem cultivadas em diferentes regiões do Brasil. Outras características, como precocidade, adaptação à colheita mecânica, indeiscência dos frutos, resistência a doenças, entre outras, permitiram que a produtividade passasse de 700 kg por hectare para mais de 3.000 kg por hectare. No caso do milho, a obtenção de híbridos simples possibilitou um grande salto de produtividade de até 15 toneladas por hectare em condições de alta tecnologia (CARVALHO; SILVA, 2017).

Diante dessas informações, você, engenheiro agrônomo, foi recentemente contratado pela *Crop Breeding* do Brasil, uma empresa consolidada e que possui centros de pesquisa em melhoramento genético espalhados por todo o Brasil. Sua responsabilidade é atuar efetivamente na condução dos programas de melhoramento genético de <u>soja e milho</u>, duas importantes culturas para a região de MAPITOBA. A soja é bastante utilizada para produção de óleo, farelo, proteína texturizada, entre outros produtos, próprios para o consumo humano e animal. A exportação dessa leguminosa é bastante favorecida na região de MAPITOBA, em razão da logística para o escoamento das safras e proximidade com portos internacionais.

Para dar início ao seu programa de melhoramento genético de soja, uma espécie autógama, a *Crop Breeding* disponibilizou para você uma relação de genótipos que já fazem parte do portfólio da empresa. Esses materiais são adaptados a condições edafoclimáticas semelhantes à região de MAPITOBA, onde você atua. Nesse momento, a filial foi recém-inaugurada e a infraestrutura necessária para realização de cruzamentos entre genitores está inacabada. No entanto, para desenvolver seu trabalho, você possui campos experimentais, e todos os equipamentos e insumos necessários estão à disposição

de sua equipe. Considerando que seu objetivo principal é o aumento de produtividade e que, para você cumprir as metas inerentes à sua função, é preciso propor o lançamento de cultivares, quais seriam as próximas etapas de condução do programa de melhoramento? Qual método seria adequado para atender aos objetivos de curto e médio prazos? Com a resolução deste desafio, você terá passado por uma situação comum entre os melhoristas de plantas, com a possibilidade de vivenciar essa experiência no futuro.

Não pode faltar

Um dos maiores desafios das próximas décadas é produzir alimento para mais de nove bilhões de pessoas no mundo. Diante desse quadro, você já deve ter ouvido a afirmação que o Brasil é o "celeiro" do mundo. Nosso potencial produtivo é real, devido às condições climáticas favoráveis. É possível produzir mais, sem a abertura de novas áreas agrícolas e destruição das florestas naturais, de modo a conservar nossa rica biodiversidade para as próximas gerações. Apesar disso, o cenário mundial impõe outro desafio: produzir alimentos, fibras e energia sob condições climáticas adversas, sujeitas a extremos de temperatura e disponibilidade hídrica. Então, você pode se perguntar: como superar esses desafios e ainda produzir mais alimento sem dispor de novas áreas agrícolas?

A resposta é simples: pesquisa e desenvolvimento de produtos. Para demostrar essa importância, vamos exemplificar: um estudo mostrou que, no estado de São Paulo, a cada um real de recursos investidos em pesquisa e desenvolvimento no campo da agricultura, havia a restituição de 27 a 30 reais para a sociedade. Ainda, das 25 culturas mais importantes do estado, São Paulo encontra-se entre os três maiores produtores em 16 delas em âmbito nacional. Esse mérito representa 13,5% do Produto Interno Bruto (PIB) do estado (MARQUES, 2018). Assim, fica evidente que, para superar os desafios que envolvem a produção de alimentos e as alterações climáticas, o investimento em pesquisa é uma estratégia fundamental.

Nesse sentido, destaca-se a importância do melhoramento genético, que pode ser definido como a arte e ciência que visa à modificação genética das plantas ou animais, para torná-los mais úteis ao homem (BORÉM; MIRANDA, 2009). A evolução da civilização humana acompanhou o sucesso do melhoramento genético. Quando o homem deixou de ser nômade e passou a ter um estilo de vida sedentário, ele dependia de identificar as melhores plantas para atender e suprir sua necessidade. Evidente que, nesse período, o melhoramento genético era mais arte do que uma ciência propriamente dita. Em um primeiro momento, os "melhoristas", no caso, os homens primitivos, se baseavam na adaptação de espécies silvestres

como principal estratégia de seleção, e isso foi decisivo para o processo evolutivo das plantas cultivadas (HALLAUER, 2011). Nos dias atuais, o melhoramento genético experimenta a contribuição de técnicas modernas da genética molecular, bioinformática, bioquímica e fisiologia vegetal, apresentando, por essa razão, um comportamento multidisciplinar.

O desenvolvimento de cultivares tornou-se um modo eficiente para aumentar o rendimento de produção e qualidade, com a redução no uso de insumos agrícolas. Em termos gerais, o melhoramento genético convencional envolve a definição das características a serem melhoradas na espécie; identificação de germoplasma com as características desejadas e genes favoráveis; seleção de genitores; cruzamento dos genitores; avaliação e seleção das progênies; testes de campo e ensaios comparativos na região de cultivo, visando atender ao mercado produtor em âmbito regional, em especial, para culturas anuais (BAENZIGER et al., 2017). Nos estágios finais dos programas de melhoramento genético, são realizados os ensaios comparativos de produtividade e verificação da interação entre genótipos e ambientes, com a finalidade de minimizar, ou aproveitar, vantajosamente, esse fenômeno. Outra questão importante é coletar o maior número de informações disponíveis sobre os ambientes e as regiões onde as cultivares desenvolvidas serão recomendadas. Isso inclui informações de precipitação média anual, temperatura média anual, toxidez do solo, salinidade, distribuição das chuvas, tipos de solo, fertilidade e ocorrência de pragas e doenças, etc.

As melhorias podem ser direcionadas para as características relacionadas: à produtividade da cultura, como rendimento de grãos; à adaptação a uma região específica; à resistência a pragas e doenças; à tolerância ao estresse hídrico, ao calor, ao frio ou à salinidade; ao processamento do produto, como moagem, fermentação e cozimento; ao aspecto visual; ao armazenamento pós-colheita; à qualidade do produto, como sabor, teor de proteína, óleo, qualidade da fibra, teor nutricional, etc. (BAENZIGER et al., 2017).

Os métodos de melhoramento genético dependem, sobretudo, do sistema de reprodução da espécie, que determina a estrutura genética e influencia, também, a manutenção da identidade genética da cultivar obtida. As plantas autógamas são aquelas que realizam autofecundação, ou seja, o pólen de uma antera germina sobre o estigma da mesma flor, ou de uma flor da mesma planta. Diversos mecanismos podem favorecer a autofecundação, entre eles, o mais comum é a morfologia floral, como a quilha em feijão e a cleistogamia. Em contrapartida, alguns mecanismos podem evitar a autofecundação, como a autoincompatibilidade, a macho-esterilidade, a cleistogamia e a dicogamia. As flores de plantas autógamas são hermafroditas, cleistogâmicas, sem alelos de autoincompatibilidade e com sincronismo de

maturidade entre pólen e óvulo. A autofecundação é considerada o maior grau de endogamia que uma planta pode alcançar, promovendo homozigose de quase todos os locos. Consequentemente, caso haja fecundação cruzada, os locos em heterozigose serão rapidamente eliminados, retomando o estado de homozigose. Dessa forma, a autofecundação restringe a criação de novas combinações genéticas, sendo possível seu surgimento por meio da mutação.



Assimile

Alguns mecanismos são importantes e colaboram para manter a estrutura genética populacional de plantas autógamas. No entanto, outros trabalham para evitar a autopolinização. Vamos conhecê-los:

Autoincompatibilidade: é quando o pólen de uma flor não é receptivo ao estigma da mesma flor. Essa condição é determinada geneticamente por um loco, com múltiplos alelos.

Cleistogamia: é a condição na qual a flor só se abre após a polinização ter acontecido.

Dicogamia: ocorre em flores hermafroditas; é o amadurecimento de pistilos e estames de uma flor em diferentes momentos; engloba a **protoginia**, quando o estigma é receptivo antes que o pólen esteja maduro, e a **protandria**, quando o pólen é liberado antes que o estigma esteja receptivo.

Macho-esterilidade: acontece quando as anteras ou o pólen não são funcionais.

Várias espécies do nosso dia a dia são autógamas, entre elas, alface, tomate, arroz, feijão, soja, ervilha, amendoim, trigo, aveia, entre outras. Uma pequena taxa de cruzamento pode acontecer nas espécies autógamas e tolera-se até 5% de polinização cruzada (BORÉM; MIRANDA, 2009). Vários fatores ambientais podem afetar a autofecundação, incluindo as condições ambientais (como a temperatura e o vento) e a polinização, devido à atividade de insetos. A autofecundação é considerada o grau mais elevado de endogamia. Como vimos, a maioria dos locos de espécies autógamas encontra-se em homozigose, fato este que expõe a expressão de alelos letais, semiletais e deletérios, que resulta na eliminação rápida da carga genética por vias seletivas e, portanto, menor depressão endogâmica. Dessa forma, populações de espécies autógamas são constituídas por uma

mistura de linhagens puras, ou seja, com locos em homozigose. Assim, note que a heterozigose é possível, no entanto, após sucessivas autofecundações, a condição homozigótica é restabelecida (ACQUAAH, 2012).

Os métodos de melhoramento genético têm como objetivo desenvolver cultivares superiores aos atuais, buscando aumentar a frequência de alelos favoráveis nas populações (BORÉM; MIRANDA, 2009). Entre os métodos mais comuns empregados no melhoramento de plantas autógamas estão a seleção massal com teste de progênies, método genealógico, método de uma única semente (SSD), método do retro cruzamento e produção de híbridos.

O cruzamento é um procedimento importante e primordial em muitos métodos de melhoramento genético para recombinação dos genótipos superiores e transferência de genes de interesse. Nesse caso, o cruzamento artificial é promovido apenas com o uso do pólen desejado, por meio da polinização controlada. Desse modo, é importante que esse procedimento seja eficiente, confiável e prático para produção de sementes híbridas em larga escala da espécie que está sendo trabalhada (ACQUAAH, 2012).

Em 1903, o botânico dinamarquês W. L. Johannsen conduziu uma série de experimentos, em que investigou o peso médio das sementes de feijão da cultivar Princess, que eram homozigotas quanto aos genes que controlam o tamanho. No primeiro ciclo de seleção, o botânico observou que as progênies oriundas de sementes maiores, em geral, produziram sementes maiores, diferente do observado para as sementes menores. No segundo ciclo, o botânico selecionou 19 linhas puras, ou seja, 19 grupos de indivíduos descendentes de uma única planta. Ele observou que as progênies derivadas de uma linha pura apresentavam peso médio similar, embora houvesse variação de tamanho entre as linhas. A partir do segundo ciclo, as progênies de sementes grandes e pequenas oriundas de uma linha pura variavam de tamanho, mas, em termos médios, se mantinham semelhantes. Os ciclos subsequentes indicaram que o peso médio das sementes permanecia constante. Você imagina o que aconteceu? Com as gerações sucessivas de autofecundação, foi alcançada a homozigose dos locos e o botânico, concluiu que: há variações herdáveis e variações causadas pelo ambiente; a seleção é eficiente apenas se recair sobre diferenças herdáveis; e a seleção não gera variação (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Da teoria de Johannsen surgiu o método de seleção de linhas puras, que se baseia na seleção de indivíduos na população original, seguida da avaliação de sua descendência. Note que se procura isolar o genótipo do indivíduo com as características fenotípicas de interesse na população heterogênea, portanto não há criação de novos genótipos, sendo assim, os processos de seleção são realizados entre linhas puras, uma vez que a seleção dentro seria inútil. Esses genótipos são cultivares homogêneos e homozigotos, condição alcançada em razão das sucessivas autofecundações e que reflete a estreita base genética. Em geral, essas cultivares são empregadas como genitores para cruzamento e obtenção de outras cultivares.

Para avaliar a descendência, são utilizados os testes de progênies, que consistem na avaliação do genótipo dos genitores com base no fenótipo de seus descendentes (ALLARD, 1971). Essa estratégia é bastante empregada no melhoramento genético, tanto de plantas autógamas como de plantas alógamas e, principalmente, para espécies perenes. O princípio do teste de progênies foi elaborado por Louis de Vilmorin, na França, em 1859. Ele foi o primeiro a sugerir que a seleção com base nas progênies era mais efetiva do que a seleção com base em indivíduos ao utilizar o teste de progênies para tamanho, forma e teor de açúcar em beterraba sacarina (HALLAUER, 2011). Essa efetividade decorre de a seleção com base no valor genético de família ser mais acurada do que a seleção baseada em um único indivíduo, pois o valor genético dele pode ser muito afetado por condições ambientais. Uma dose extra de adubo na cova de plantio pode favorecer o desempenho de um indivíduo, mascarando seu valor genético real. A avaliação das progênies permite: estimar os parâmetros fenotípicos e genéticos, predizer os valores genéticos de indivíduos e progênies, predizer os valores genéticos em cruzamentos, avaliar a correlação genética e fenotípica entre caracteres, avaliar a eficiência dos métodos de seleção, predizer os ganhos de seleção, entre outros (PALUDZYSZYN FILHO; FERNANDES; RESENDE, 2002).

A Johannsen é concedido o desenvolvimento da seleção massal. Contudo, esse método é muito mais antigo e foi utilizado pelos primeiros agricultores que armazenavam as sementes das melhores plantas, para serem cultivadas na próxima safra e, assim, o faziam, sucessivamente. O princípio desse método é baseado na seleção fenotípica, buscando, por meio da seleção dos melhores fenótipos, aumentar a média geral da população original (população base). Em geral, esse método é aplicado para características de alta herdabilidade e pode ser realizado por quantos ciclos forem necessários, o que caracteriza a seleção recorrente. As cultivares desenvolvidas por seleção massal tendem a ser fenotipicamente uniformes para características qualitativas e são facilmente selecionadas. Apesar dessa uniformidade, a cultivar pode reter variabilidade significativa para características quantitativas e pode ser útil em caso de ambientes uniformes, para seleção de plantas geneticamente superiores. Além disso, o método é eficiente para realizar a seleção para resistência a doenças, principalmente se o patógeno estiver presente de modo uniforme em todo o campo. Cabe destacar que existem dois tipos de seleção massal: a negativa e a positiva. A primeira é utilizada no sentido de eliminar os tipos (fenótipos) indesejáveis e, portanto, na segunda, selecionam-se os tipos desejáveis.



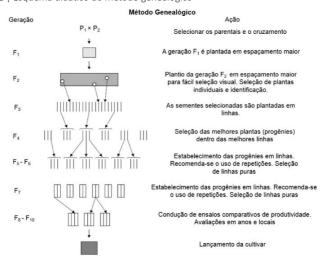
Reflita

Imagine os seguintes valores para uma característica quantitativa (como a altura de plantas) para dois casos distintos (recorda-se do modelo utilizado na genética quantitativa para determinar as variâncias fenotípicas, genéticas e ambientais, F = G + E? Em ambos, o valor fenotípico é 20). No primeiro caso, o valor genético é 15 e o valor ambiental é 5, enquanto, no segundo caso, os valores são invertidos: 5 para o valor genético e 15 para o efeito de ambiente. Refletindo sobre a seleção massal, qual seria a implicação de utilizar esse método nesses casos? Lembre-se de que a herdabilidade é um fator primordial para seleção.

A seleção com base no método genealógico (Figura 2.1) é amplamente utilizada no melhoramento de espécies autógamas com frequente alogamia (BORÉM; MIRANDA, 2009). A principal diferença entre o método genealógico (conhecido também como pedigree) e a seleção massal é que, no primeiro, a hibridização é utilizada para gerar variabilidade genética na população base, enquanto a segunda só será eficiente se a população for heterogênea, ou seja, se for constituída por uma mistura de linhagens puras. Nesse método, o melhorista mantém os registros de genealogia (ancestralidade) da cultivar e, para ser bem-sucedido, ele deve ser capaz de distinguir bem as plantas com as características desejáveis. Para isso, recomenda-se a utilização de espaçamento de plantio um pouco maior, para possibilitar a avaliação individual de plantas. Esse método é bastante utilizado para ervilha, tomate e alguns cereais, e consiste na contínua seleção de plantas individuais até um nível desejado de homozigose e homogeneidade fenotípica. Por ser um método baseado na seleção em teste de progênies e com conhecimento da genealogia, que permite obter o grau de parentesco entre as linhas selecionadas, a sua principal vantagem é a maximização da eficiência da seleção (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Ainda com relação a esse método, o primeiro passo, fundamental para o seu sucesso, é selecionar adequadamente os genitores que serão cruzados para obter a geração F₁. A geração F₂ é plantada em espaçamento maior para viabilizar a máxima produção de sementes. A seleção começa na geração F_2 , pois é nela que surge a variabilidade genética devido à segregação dos alelos, sendo que 50% dos genótipos são heterozigotos. O número de plantas selecionadas em F, depende da herdabilidade da característica, sendo que aquelas de alta magnitude permitem maior efetividade, exigindo um número menor de genótipos selecionados. Em geral, pouca seleção é praticada em F_2 . Cada planta selecionada em F_2 é colhida individualmente e registrada. As sementes são plantadas em linhas para obter a geração F_3 , o que facilita a distinção de genótipos homozigotos e heterozigotos, que segregarão nas linhas. Em F₃, as melhores plantas dentro de cada linha (melhores progênies) passam a ser efetivamente selecionadas para as características fenotípicas de interesse. As plantas da geração F_4 são cultivadas em linhas e selecionadas de modo semelhante ao que foi realizado em F_3 . As progênies se tornam mais homogêneas em F, (87,5% de homozigose), apresentando uniformidade de vários caracteres morfológicos, por isso, a seleção se concentra no comportamento da progênie, em vez de considerar a avaliação individual de plantas. As linhas selecionadas em F_4 são cultivadas em ensaio preliminar de produtividade (EPL). Em F_5 , as plantas possuem 93,8% dos locos em homozigose. Nesses ensaios, recomenda-se que sejam utilizadas pelo menos duas repetições, dependendo do número de sementes disponíveis. A densidade de semeadura e manejo cultural é a mesma aplicada na cultura comercial. Além da produtividade, devem ser avaliadas as características de qualidade e resistência a doenças. A seleção é realizada somente entre linhas puras e as melhores seguem no programa de melhoramento genético. As melhores linhas puras são novamente avaliadas em EPL, mas, nesse momento, ocorre a inclusão de testemunhas (melhores cultivares disponíveis no mercado), para iniciar a avaliação comparativa. As linhas puras superiores selecionadas em F₆ são avaliadas em ensaios comparativos de produtividade, e da geração F₂ em diante a avaliação ocorre em vários locais e anos, até a obtenção da cultivar. Nesse processo, incluem-se os ensaios intermediários de avaliação de linhagens (EIL), ensaios finais de avaliação de linhagens (EFL) e estabelecimento do ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) (ACQUAAH, 2012; BORÉM; MIRANDA, 2009).

Figura 2.1 | Esquema didático do método genealógico



Fonte: adaptada de Acquaah (2012, p. 320).

Você pode se questionar: quanto tempo demanda para o lançamento de uma cultivar? Muito tempo! Em média, de 10 a 12 anos em locais onde é possível plantar em apenas uma época do ano, e isso consiste em uma desvantagem do método genealógico (ACQUAAH, 2012). Em função disso, foi sugerido o método descendente de uma semente única, conhecido como Single Seed Descent (SSD). Ele propõe uma maneira para acelerar o programa de melhoramento genético, em razão da redução de tempo para obtenção das linhagens homozigóticas.



Exemplificando

Existem alguns tipos de cultivares que exemplificam o que o melhorista busca desenvolver nos programas de melhoramento genético. É importante, aluno, que você se atente para as principais diferenças entre eles. Cultivares de linha pura são aqueles homogêneos e homozigotos e, frequentemente, são utilizadas como genitores para produção de outros tipos de cultivares. Cultivares híbridas são obtidas pelo cruzamento de linhagens endogâmicas para explorar o vigor híbrido (heterose). Em geral, a heterose é menor em espécies autógamas do que alógamas. Cultivares de polinização aberta são desenvolvidas para espécies alógamas e são geneticamente heterozigotas e heterogêneas. Cultivares clonais são aqueles obtidos por propagação vegetativa para espécies que permitem esse tipo de reprodução. Os genótipos são idênticos à planta-mãe, apresentam, em geral, alto nível de heterozigosidade dos locos e homogeneidade dos indivíduos. Cultivares multilinhas são desenvolvidas para espécies autógamas e consistem em uma mistura de linhas isogênicas. Elas são homozigóticas, porém heterogêneas, porque diferem em apenas um loco ou um conjunto definido de locos. Essas linhas são desenvolvidas, principalmente, como estratégia de resistência à doença.

O método descendente de uma semente única (ou SSD, do inglês Single Seed Descent) foi proposto em 1941 e fundamentado em 1966, por C.A. Brim, o qual denominou de método genealógico modificado (ACQUAAH, 2012). O método permite que o melhorista avance o número máximo de plantas F_2 até a geração F_5 , e o seu principal objetivo é atingir a homozigose o mais rápido possível, sem seleção. As plantas são cultivadas na estufa de modo a aumentar a cleistogamia, por isso é eficiente para espécies autógamas. Isso também viabiliza o plantio fora de época e permite que sejam conduzidas de duas a três gerações por ano. O princípio consiste em gerar a população F₁ suficientemente grande para garantir a recombinação adequada entre os alelos parentais. O processo se inicia na geração F_5 , com a colheita aleatória de uma única semente por planta para formar uma amostra, avançando a cada geração até atingir o nível adequado de endogamia. Geralmente, isso ocorre em F_5 ou F_6 . Nessas gerações, inicia-se o processo de seleção. A colheita das sementes é realizada em plantas individuais (linhas puras) para iniciar os procedimentos de avaliação. Ocorre, então, o plantio dessas linhas puras em parcelas com repetições e seleção entre as melhores linhas puras. O processo continua nas gerações seguintes (F_8 , F_9 , e assim por diante), aumentando gradativamente o número de locais e anos, até a obtenção de genótipos superiores que poderão se transformar em cultivares.

Já para corrigir algum defeito da cultivar, utiliza-se o método do <u>retrocruzamento</u>. Ele não melhora o genótipo em si, mas transfere alelos para melhorar uma característica específica. Em geral, esse método é bastante utilizado para características qualitativas, como a introdução de resistência a alguma doença ou correção do hábito de crescimento inadequado. Como esse método é adequado para substituir um gene indesejável, ele é recomendado para os casos em que a cultivar já dispõe de outras qualidades, como produtividade ou adaptação. A seleção por retrocruzamento é bastante eficiente quando há disponibilidade de um genitor muito bom, portador de gene de interesse. Além disso, para ser bem-sucedida, o alelo a ser transferido deve expressar bem o fenótipo, de modo a facilitar a seleção.

Vamos conhecer o procedimento do método de retrocruzamento? Para iniciar, o melhorista cruza o genitor recorrente (cultivar com a característica a ser melhorada) com o genitor doador (cultivar que possui o gene de interesse). O passo seguinte é cruzar a progênie com o genitor recorrente quantas vezes forem necessárias até recuperar todas as características do genitor recorrente, o que pode levar de dois a cinco ciclos ou até mais, dependendo de quão fácil é a expressão do gene transferido. Vamos exemplificar: um genitor doador "AA" é cruzado com o genitor recorrente "aa" (queremos substituir esse loco "aa"). A geração F_1 (Aa) é cruzada com o genitor recorrente "aa", assim teremos: 50% "Aa" e 50% "aa" (que expressa a característica e é eliminada). A geração do retrocruzamento RC1 com genótipo "Aa" (75% do genótipo do recorrente e 25% do doador) é novamente retrocruzada com "aa". Obtém-se a geração RC2 (87,5% de recorrente e 12,5% doador) e cruza-se com "aa", e assim por diante, até a geração RC_n (100% de recorrente), que é autofecundada e selecionado o genótipo "AA". Entre as vantagens do método de retrocruzamento, destaca-se que, geralmente, ele é utilizado para corrigir um defeito em uma cultivar já aceita pelos agricultores; a cultivar obtida pode ser multiplicada e imediatamente distribuída aos produtores e na condução do programa, que pode ser realizada em qualquer ambiente, inclusive casas de vegetação, uma vez que não são necessários ensaios de competição de campo (ACQUAAH, 2012; BORÉM; MIRANDA, 2009).

A hibridação é a união de genitores que possuem genótipos divergentes, a resultar em indivíduos híbridos heterozigóticos para um ou mais locos. Em geral, no melhoramento genético de plantas autógamas, o objetivo é obter indivíduos homozigóticos após sucessivas gerações de autofecundação. O cruzamento entre os genitores é realizado artificialmente e consiste na emasculação da flor a ser utilizada como genitor feminino antes que as anteras iniciem a liberação de pólen, coletado do genitor masculino selecionado e aplicado sobre o estigma da flor emasculada. Sendo assim, a seleção de genitores é primordial para garantir o sucesso do programa, necessitando que sejam considerados o desempenho dos genitores, a divergência genética entre eles e a complementariedade de características. Vamos ao procedimento!

Após a seleção de genitores, é realizado o cruzamento entre eles. Vale destacar que o vigor híbrido é mais elevado na geração F, e reduzido em 50% a cada geração subsequente. Os indivíduos da geração F₁ são todos heterozigotos (tipo transgressivo). Nas espécies autógamas, a autofecundação ocorre naturalmente, e na geração F2, ocorre a segregação dos locos nos tipos heterozigóticos e homozigóticos, surgindo todos os genótipos possíveis (3^m, em que m é o número de locos envolvidos). Os indivíduos com as características de interesse são selecionados na população segregante. Com sucessivas gerações de autofecundação, haverá 93,8% dos indivíduos homozigóticos na geração F₅ (ACQUAAH, 2012). As linhagens originadas dos indivíduos selecionados são avaliadas em testes comparativos de produtividade, conhecidos como testes de Valor de Cultivo e Uso (VCU). As cultivares superiores são, então, selecionadas e lançadas no mercado como cultivares comerciais, após serem satisfeitas todas as normas no Registro Nacional de Cultivares (RNC).

A partir de agora, você, aluno, possui as ferramentas para desenvolver os principais métodos de melhoramento genético convencional que são aplicados em plantas autógamas. Concentre-se na resolução dos exercícios propostos e pesquise sobre técnicas recentes. Dedique-se e faça parte dessa importante missão para contribuir com o aumento de produtividade dos alimentos.



Pesquise mais

Assista a reportagens sobre novas cultivares que estão sendo desenvolvidas pelas instituições de pesquisa, por exemplo, o melhoramento genético de tomate:

AGRIRURAL. Novas cultivares de tomate. 8 jul. 2013.

Acesse e leia também o texto sobre seleção recorrente em autógamas, da página 9 até a página 20:

CARGNIN, Adeliano. **Seleção recorrente no melhoramento genético de plantas autógamas**. Planaltina: EMBRAPA Cerrados, 2007.

Sem medo de errar

Você é o melhorista contratado pela *Crop Breeding* do Brasil para conduzir o programa de melhoramento genético de soja e milho, na região de MAPITOBA, onde está localizada a filial para a qual você trabalha. Para dar início ao seu programa de melhoramento genético de soja, espécie autógama, a *Crop Breeding* disponibilizou uma relação de genótipos que já fazem parte do portfólio da empresa. Considerando que seu objetivo principal é o aumento de produtividade e que, para cumprir as metas inerentes à sua função, é preciso propor o lançamento de cultivares, quais seriam as próximas etapas de condução do programa de melhoramento? Qual método seria adequado para atender aos objetivos de curto e médio prazos?

Para atender à sua atribuição no lançamento de cultivares a curto e médio prazos, você deve introduzir a base genética com a qual trabalhará. Para isso, faça uma busca entre as cultivares da *Crop Breeding* que já foram lançadas para regiões com condições edafoclimáticas semelhantes à região de MAPITOBA. Nesse momento, é preciso caracterizar adequadamente a sua região de atuação, englobando informações quanto à pluviosidade, à distribuição das chuvas, à temperatura, aos tipos de solo, à fertilidade e à ocorrência de pragas e doenças. Feito isso, comece a selecionar as cultivares e linhagens com potencial produtivo em condições semelhantes a que você se encontra. Evite cultivares recomendadas para regiões de latitudes muito baixa, pois a soja é dependente do fotoperíodo para o florescimento, e isso está altamente correlacionado à produtividade. Observe cuidadosamente características da cultivar, em especial, a duração do ciclo produtivo. Após selecionar os cultivares no portfólio da empresa, inicie com a experimentação de campo. Faça o plantio dos cultivares em diferentes locais na sua região, para melhorar a representatividade. Você pode utilizar, nos ensaios comparativos, cultivares comerciais de outras empresas, desenvolvidas para sua região, como testemunha. Para lançar cultivares a curto prazo, você deve selecionar aqueles com produtividade acima das testemunhas, mas atente-se a outras características importantes. Esses cultivares devem passar pelo ensaio preliminar de linhagem, ensaio final de linhagem, ensaio regional e lançamento da cultivar. Com a seleção das melhores cultivares, você possui também a seleção de genitores, que são os mesmos, visto que se tratam de linhagens puras. Como você não dispõe da estrutura de casas de vegetação para realização dos cruzamentos entre genitores, você pode, por meio do método de descendente de semente única (SSD), conduzir os cruzamentos em outros centros de pesquisa da *Crop Breeding* e utilizar os materiais oriundos dessa etapa na experimentação em campos experimentais da sua filial. Com isso, você pode executar métodos de melhoramento genético de plantas autógamas para resolução de situações comuns no dia a dia do melhorista vegetal.

Avançando na prática

Tolerância do trigo duro ao alumínio tóxico

Descrição da situação-problema

A região do Cerrado caracteriza-se por apresentar uma extensa área, que apresenta solos ácidos e com elevados teores de alumínio tóxico (Al³⁺). Esse fator afeta a produtividade das espécies cultivadas, em especial, do trigo duro (Triticum durum), que possui elevado teor de proteína, cor amarela intensa e sabor agradável, recomendado para produção de pães e massas (YARA, [s.d.]). A tolerância ao alumínio é controlada geneticamente e determinada por um gene com dominância para o alelo que condiciona tolerância. Para avaliação dos genótipos tolerantes, utiliza-se, comumente, o método baseado no desenvolvimento do sistema radicular em soluções nutritivas, em que se verificam, por meio de observação imediata, os efeitos de injúria causada pelo Al³⁺ (DEL GUERCIO; CAMARGO, 2011). Imagine o seguinte cenário: você passou em um concurso público em uma instituição pública de pesquisa, que realiza melhoramento genético e busca desenvolver cultivares de trigo duro tolerantes ao alumínio tóxico do solo na região do Cerrado. A instituição, em convênio com o Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT) do México, conseguiu introduzir 39 variedades de trigo duro, sendo que apenas duas possuíam características de interesse, mas contrastantes, como: TD2565, plantas de porte alto e tolerantes ao alumínio tóxico; e TD3282, plantas de porte baixo e sensíveis à toxicidade por alumínio. A produtividade de ambas era mediana. Sabendo que o porte das plantas é uma característica geneticamente correlacionada ao acamamento de plantas, como você procederá para desenvolver cultivares de trigo duro de porte baixo e tolerante ao alumínio do solo?

Resolução da situação-problema

Você deve iniciar com o plantio do TD2565 e do TD3282 em vasos, na casa de vegetação. É realizado, então, o cruzamento entre esses genitores,

de modo a obter as sementes F_1 híbridas. Estas são novamente semeadas em vasos, assim como os genitores. Nesse momento, como sugestão, podem ser conduzidas três gerações: autofecundação de F_1 para segregação das progênies em F_2 , pois em F_1 todas as sementes possuem o mesmo genótipo híbrido; retrocruzamento de F_1 com o genitor TD2565 (RC_1); e retrocruzamento de F_1 com o genitor TD3282 (RC_1).

São coletadas sementes desses três cruzamentos para serem avaliadas em solução nutritiva quanto à tolerância ao Al^{3+} . É recomendado o uso de alguma cultivar de trigo comum com tolerância conhecida ao Al³ para ser utilizada como controle. As sementes coletadas nas progênies dos cruzamentos e que foram tratadas devem ser lavadas e utilizadas para instalação de testes de germinação. Todas as recomendações para esse teste devem ser seguidas conforme metodologia apropriada. As plântulas que formaram o sistema radicular normalmente, ou seja, que não foram afetadas pelo alumínio toxico, oriundas dos três cruzamentos (F2, RC1 eRC1'), são selecionadas para dar continuidade ao programa, sendo transplantadas em vasos na casa de vegetação. Novamente, as plantas são avaliadas buscando selecionar aquelas de porte baixo, para evitar o acamamento e a redução da produtividade. Após avaliação das gerações RC , RC₂ e RC₂', é realizada a seleção das plantas com as duas características de interesse. As sementes são multiplicadas, novamente, em casa de vegetação, para permitir a realização dos testes de campo, podendo, então, avaliar a produtividade das plantas de porte baixo e tolerantes ao alumínio tóxico. Como sugestão, o processo pode continuar até gerações mais avançadas, a depender do comportamento dos genótipos. Caso a produtividade esteja aquém das cultivares comerciais, recomenda-se utilizar a cultivar selecionada como doadora em retrocruzamento com alguma cultivar produtiva e adaptada à região de plantio do trigo duro.

Faça valer a pena

1. O sistema de reprodução determina a estrutura genética populacional e está intimamente associado ao método de melhoramento genético. Em espécies autógamas, um dos métodos de seleção é a massal, que consiste no método mais antigo, empregado pelo homem primitivo para, involuntariamente, realizar o melhoramento genético.

Em relação ao método de seleção massal, assinale a única alternativa correta:

- a) Ele é baseado em características qualitativas.
- b) A seleção é realizada com base no genótipo dos melhores indivíduos.
- c) A seleção massal positiva procura identificar o fenótipo com as características de interesse.

- d) Ele é um método utilizado para características de baixa herdabilidade.
- e) A seleção massal é eficiente se for realizada em populações homogêneas.
- 2. No método descendente de uma única semente (SSD), utiliza-se uma semente por planta para constituir a próxima geração. Esse método foi bastante utilizado por melhoristas dos Estados Unidos e Canadá na década de 1980 (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Qual é a principal característica que condiz com uma vantagem do método SSD?

- a) Uso de poucas sementes para melhorar a representatividade da amostra.
- b) Avaliação e seleção em gerações precoces.
- c) Condução de todas as gerações em casas de vegetação.
- d) Seleção de linhas puras na geração F₂.
- e) Redução do tempo para obtenção das linhagens homozigóticas.
- 3. O aspecto de grãos de feijão é uma importante característica para o mercado consumidor. Existe variação no escurecimento de grãos de acordo com a cultivar. Sendo assim, é possível identificar os genótipos com grãos que escurecem lentamente para cruzá-los com genótipos-elite, ou seja, aqueles de maior produtividade, mas com a característica indesejada - escurecimento. O cruzamento desses genótipos gera uma população segregante com variabilidade genética, que permite a seleção da característica "aspecto de grãos", ou seja, genótipos produtivos com grãos que escurecem lentamente.

Com base nos métodos de condução das populações segregantes, é possível afirmar que:

- a) O método SSD exige que a seleção seja conduzida logo nas primeiras gerações.
- b) O método genealógico é baseado na seleção dos melhores indivíduos dentro das melhores progênies após a geração F_5 .
- c) Em todos os métodos de seleção, a variância ambiental pode ser desconsiderada nas primeiras gerações.
- d) Na hibridação, a condução inicia-se a partir da geração $\,{\sf F_2}\,$ quando ocorre a segregação dos locos.
- e) No retrocruzamento, há necessidade de conduzir ensaios de competição.

Métodos de melhoramento de plantas alógamas

Diálogo aberto

Prezado aluno, vamos iniciar mais uma seção da disciplina Genética e Melhoramento de Plantas e Animais. O milho é um dos principais cereais produzidos no mundo e, com certeza, faz parte do seu dia a dia. Esse cereal possui grande quantidade de amido (carboidrato), sendo bastante utilizado na alimentação humana e animal, em especial, na avicultura e suinocultura. Além disso, diversos produtos industrializados são derivados dessa cultura, que possui, provavelmente, origem na América Central. A origem dos ancestrais do milho cultivado, como nós conhecemos hoje, ainda é duvidosa, mas sabe-se que ele é descendente do teosinto, uma gramínea encontrada nas montanhas do México, que apresenta várias espigas sem sabugo, muitos perfilhos e que origina híbridos férteis no cruzamento com milho, tratando-se, portanto, de espécies relacionadas. A seleção de plantas realizada pelo homem e as mutações que ocorreram ao longo dos anos resultaram no milho que conhecemos hoje, o que deve ter levado cerca de 10.000 anos para tal (ZANCANARO, 2013). Essa cultura, além de extremamente importante para nossas vidas, é um exemplo clássico do melhoramento genético de plantas alógamas.

Os primeiros registros de milho híbrido pertencem ao pesquisador G.H. Shull e datam de 1904, quando os trabalhos de Mendel e as bases da hereditariedade passaram a ser reconhecidos. Em um primeiro momento, os esforços se concentraram no desenvolvimento de linhagens puras. Em 1920, o potencial produtivo do híbrido duplo estimulou a pesquisa. Centenas de linhagens endogâmicas foram desenvolvidas e testadas, até que houve a mudança para produção de híbridos simples nos Estados Unidos, passando de 0%, em 1960, para quase 100%, na virada do século, com um salto espetacular de produtividade (HALLAUER; CARENA; MIRANDA-FILHO, 2012).

A partir dessas informações, vamos, então, definir o seguinte cenário: você é o engenheiro agrônomo contratado pela empresa *Crop Breeding* do Brasil. Sua responsabilidade é atuar na condução dos programas de melhoramento genético de <u>soja e milho</u>, culturas fundamentais para a nova fronteira agrícola de MAPITOBA, que engloba Maranhão, Piauí, Tocantins e Bahia. O relevo, as características de solo e o regime de chuvas são favoráveis. A *Crop Breeding* é uma empresa consolidada e possui centros de pesquisa em melhoramento genético espalhados por todo o Brasil, mas a filial para a qual você trabalha foi recentemente inaugurada.

A empresa disponibilizou híbridos de milho para serem comercializados aos agricultores da sua região em MAPITOBA. Entretanto, esses genótipos foram importados da região Sudeste do Brasil, sendo que os materiais foram testados em ensaios comparativos de produção e os resultados indicaram que a produtividade está aquém da esperada, tornando necessário o desenvolvimento de um programa de melhoramento genético de milho específico para sua região. A *Crop Breeding* dispõe de várias populações de milho adaptadas às regiões tropicais e, para o cruzamento entre genitores, não são necessárias estruturas complexas, como as casas de vegetação. Diante disso, quais seriam os procedimentos adotados por você, melhorista, para obtenção de híbridos mais produtivos, considerando metas para serem atingidas a médio e longo prazos?

Ao final desta seção, você será capaz de mobilizar conceitos e aplicar métodos de melhoramento genético em plantas alógamas, que englobam uma infinidade de espécies com importância comercial e industrial. Com isso, aluno, você estará apto para contribuir com o principal desafio agrícola das próximas décadas: alimentar o mundo e atender à demanda por fibras e energia.

Não pode faltar

Você sabia que espécies alógamas estão todos os dias sobre a nossa mesa: abóbora, banana, beterraba, brócolis, cacau, cana-de-açúcar, cebola, cenoura, girassol, goiaba, maçã, mandioca, milho, pepino, pera, uva, etc.? De acordo com Borém e Miranda (2009), o número de espécies alógamas é superior ao de autógamas, e isso deve estar associado à evolução e domesticação feita pelo homem. Como o sistema de reprodução das espécies influencia diretamente a estrutura genética de populações, os métodos de melhoramento genético para plantas autógamas e alógamas são diferentes, embora alguns princípios sejam semelhantes.

A alogamia ocorre quando a fertilização do estigma de uma flor é realizada pelo pólen oriundo da flor de uma planta diferente, caracterizando o sistema de reprodução por cruzamento. Para a espécie ser considerada alógama, a taxa de cruzamento (t) deve ser igual ou superior a 95%. Diversos mecanismos podem favorecer a alogamia ou prevenir a autofecundação. Em geral, as espécies alógamas dependem de agentes polinizadores (como o vento ou insetos) para a realização da polinização cruzada. Em razão disso, a produção de pólen é grande, e os mecanismos para atração dos polinizadores são variados, como flores coloridas e exuberantes, que exalam odor agradável, produção de néctar, etc. A morfologia floral também é diferenciada, sendo que, em geral, os estames são mais altos que os carpelos para

facilitar a dispersão de pólen e podem existir mecanismos que atuam na receptividade do estigma.

As plantas podem ser classificadas de acordo com seu sistema sexual em: monoicas, dioicas ou hermafroditas. Vamos ver as diferenças entre elas! Plantas monoicas são aquelas que possuem flores masculinas e femininas no mesmo indivíduo, mas em partes diferentes, como o milho e os pinheiros (*Pinus* sp.). Já as plantas dioicas são aquelas que possuem somente flores masculinas ou femininas, como a araucária e o mamão, sendo que este último também pode apresentar plantas com flores hermafroditas (você concorda que os animais possuem esse mesmo sistema sexual?). Por sua vez, as plantas hermafroditas possuem as estruturas reprodutivas masculinas e femininas na mesma flor. Nesse caso, os mecanismos que atuam para evitar a autofecundação são a protandria, protoginia, autoincompatibilidade, macho-esterilidade e obstrução mecânica, para evitar a autopolinização (BORÉM; MIRANDA, 2009).



Reflita

Para espécies dioicas, em que o produto comercializado é o fruto ou a semente, existe um cuidado muito importante no momento da instalação dos campos de produção, em especial, quando se tratam de espécies perenes. Em termos proporcionais, qual deverá ser a proporção sexual entre machos e fêmeas? Qual é a importância em manter um tamanho efetivo populacional adequado para cada população? Reflita sobre isso!

As populações de espécies alógamas são definidas como um conjunto de indivíduos que partilham o mesmo conjunto gênico por meio de gerações e que trocam genes por ocasião da reprodução. Uma importante característica de espécies alógamas é a heterogeneidade (mistura de genótipos) e a presença de alelos desfavoráveis camufladados nos locos em heterozigose (elevada carga genética). As frequências alélicas e genotípicas apresentam um elevado nível de heterozigosidade, mas isso não significa que todos os locos ocorrem em heterozigose. A variabilidade genética está associada à homozigose e à heterozigose. Quando a ocorrência (frequência) de algum alelo for muito alta em uma população, é bem provável que ele esteja ocorrendo em homozigose nos indivíduos. A homozigose é resultado da autofecundação, nem sempre possível nas espécies alógamas (lembre-se do caso das plantas dioicas), e do cruzamento entre indivíduos parentes, que aumenta a frequência de alelos idênticos por descendência. Esses dois processos conduzem à endogamia, importante característica das espécies alógamas e que resulta na depressão endogâmica.

O índice de fixação (F) é um parâmetro que mede os desvios da frequência de heterozigotos em relação ao esperado, em equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW). Esse parâmetro é um indicativo de endogamia na população e é calculado por $F=1-\frac{H_o}{I}$, em que: H_o é a heterozigosidade observada e H_o

é a heterozigosidade esperada em EHW, sendo que valores de F=0 indicam ausência de endogamia; F > 0 indicam presença de endogamia, devido a um excesso de homozigotos em relação ao esperado pelo modelo de EHW; e F < 0 indicam excesso de heterozigotos em relação ao esperado pelo EHW.

Em contraste, o cruzamento entre indivíduos que possuem considerável divergência genética causa a heterose, ou vigor híbrido, devido à concentração de alelos favoráveis para a maioria dos locos que controlam a expressão da característica de interesse. Sendo assim, os dois fenômenos mais importantes nas populações alógamas referem-se à depressão por endogamia e à heterose (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Outro desafio para os melhoristas em populações de espécies alógamas é manter os genótipos superiores que foram selecionados. Isso ocorre porque a média genética da descendência pode ser inferior à dos genitores e, por essa razão, identificar um genótipo superior não indica que suas progênies também serão. Em casos possíveis, a depender da espécie, os melhoristas utilizam técnicas de reprodução assexuada (como a clonagem), para fixar esses genótipos superiores, ou hibridação, no caso da reprodução sexuada, obtida entre linhagens endogâmicas (ACQUAAH, 2012; BORÉM; MIRANDA, 2009).

Diferente do que ocorre em espécies autógamas, em que é possível dizer que o genótipo é transmitido por meio de gerações, os indivíduos de uma espécie alógama perdem identidade genética a cada evento reprodutivo. Isso ocorre porque os indivíduos podem cruzar-se aleatoriamente com qualquer outro indivíduo, dentro ou fora da população. Essa recombinação altera a identidade genética da descendência e as frequências alélicas a cada geração.



Exemplificando

Vamos imaginar um cenário em que uma seca extrema incide sobre determinada região dominada por uma espécie vegetal. As plantas com baixa tolerância à seca morrerão ou terão sua reprodução afetada pelos danos sofridos. Esse evento sinistro causará, na geração seguinte, um aumento na freguência para os alelos com tolerância à seca. Outro evento sinistro poderá ocorrer, selecionando indivíduos tolerantes e alterando novamente as frequências alélicas, e assim por diante. Isso ocorre porque a variabilidade genética está associada aos indivíduos e à população. Por outro lado, note que, em espécies autógamas, a variabilidade genética está associada à mistura de linhagens puras, portanto, se uma população for constituída por apenas uma linhagem e esta for suscetível, todos os indivíduos serão eliminados. Isso refere-se à **vulne-rabilidade genética** e é bastante importante para os plantios clonais.

Vários métodos podem ser utilizados no melhoramento genético de espécies alógamas para o desenvolvimento de cultivares. Para manutenção da identidade genética e multiplicação dos cultivares, é primordial que se tomem alguns cuidados e que se tenha maior atenção com os campos de produção de sementes, como manter um isolamento adequado da área. Ao contrário dos métodos de melhoramento genético de espécies autógamas, que focam em plantas individuais, nas alógamas, o foco prioriza a população e as progênies e, por essa razão, os conceitos de genética de população são importantes. Entre esses métodos, veremos os seguintes: seleção recorrente, seleção massal, seleção com teste de progênies e obtenção e avaliação de linhagens alógamas para produção de híbridos.

O método de <u>seleção recorrente</u>, ou seleção cíclica, é utilizado para aumentar a frequência de alelos favoráveis de uma característica quantitativa na população. Nele, os indivíduos superiores são selecionados e deixados para se recombinar, formando uma nova população. Espera-se que o desempenho médio da população selecionada seja superior ao da população original. O ciclo é repetido por quantas vezes forem necessárias até atingir o objetivo, atentando-se para dois fatores: intensidade de seleção e afunilamento da base genética. A seleção recorrente, fundamentalmente, consiste nas seguintes fases: obtenção das progênies; avaliação; seleção e recombinação; após isso, as progênies são novamente obtidas, avaliadas, selecionadas e recombinadas, até que o objetivo seja atingido.



Reflita

Qual é a importância do conhecimento genealógico para os métodos de seleção recorrente? Reflita com base no parentesco entre os indivíduos da população.

A seleção recorrente pode ser utilizada para melhoria do comportamento médio de uma única população, sendo denominada de intrapopulacional, e as unidades de seleção podem ser plantas individuais, famílias (progênies) ou indivíduos dentro de progênies. Para o desenvolvimento de linhagens com alta capacidade de combinação para obtenção de híbridos, quando o objetivo é a melhoria simultânea de duas populações,

utiliza-se a seleção recorrente denominada de interpopulacional (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Entre os métodos intrapopulacionais, destaca-se a seleção massal, que visa selecionar e aumentar o número de genótipos superiores que já existem na população. Nesse caso, as unidades de seleção são as plantas individuais, e a seleção é realizada com base no fenótipo. As plantas selecionadas que foram polinizadas por todas as demais iniciarão a próxima geração, ou seja, a seleção é realizada para um sexo (feminino). Nenhum cruzamento é realizado, mas para avaliação é instalado o teste de progênies. Esse processo é repetido até que o objetivo seja alcançado. Dependendo do progresso de seleção, esse método pode ser demorado e a seleção fenotípica ser inviável. A ausência de controle do pólen envolve tanto o de plantas superiores como de plantas inferiores e, se a intensidade de seleção for alta, pode-se conduzir à depressão por endogamia, uma vez que os melhores indivíduos podem pertencer à mesma família.

A seleção com base em teste de progênies consiste em três fases: criar a estrutura de progênies (obtenção das famílias); avaliar as famílias e selecionar as superiores; e recombinar as famílias selecionadas ou plantas dentro de famílias, para criar uma nova população base para o próximo ciclo de seleção. Os testes de progênies podem ser conduzidos com famílias de meios-irmãos ou irmãos completos. No primeiro caso, apenas um parental é comum entre os irmãos, ou seja, ou o genitor paterno ou o materno. No caso do melhoramento genético de plantas, como a produção de sementes é grande e relativamente rápida, é mais frequente manter o genitor materno comum. No caso de animais, como o ciclo reprodutivo para a vaca gerar um bezerro é demorado, utilizam-se com maior frequência os testes de progênies de meios-irmãos paternos. Já os testes de progênies de irmãos--completos referem-se a progênies que possuem o mesmo genitor materno e paterno. Nesse caso, é comum utilizar a polinização controlada e outras práticas para evitar a contaminação por pólen indesejado.

Os testes de progênies de meios-irmãos são utilizados, geralmente, para plantas perenes e gramíneas forrageiras. No passado, foi bastante empregado para aumentar o teor de óleo em sementes de milho, sendo um método adequado para características de alta herdabilidade (ACQUAAH, 2012). Para obtenção de progênies de meios-irmãos, pode-se utilizar a polinização aberta, na qual as flores são livremente polinizadas por qualquer pólen da população ou migrante. Outra possibilidade é utilizar o pólen mix, que consiste em uma mistura de pólen de plantas previamente selecionadas e que, depois, é utilizada para polinização controlada. Em ambos os casos, o genitor paterno é desconhecido e somente poderá ser conhecido por análises de paternidade via marcadores moleculares.

Na população original, coleta-se, individualmente, as sementes para constituição da estrutura de progênies. Ao contrário da seleção massal fenotípica, os meios-irmãos são selecionados com base nos valores genéticos de progênies. O procedimento consiste na obtenção das progênies, avaliação, seleção e recombinação para formar a nova população. Existem vários métodos de seleção recorrente baseada em testes de progênies de meios--irmãos, como espiga por fileira, em que são colhidas espigas de plantas individuais, e as sementes de cada espiga são semeadas em fileiras, em um único local e sem repetição. As plantas se cruzam ao acaso e, na maturação, colhe-se a espiga de cada planta selecionada, iniciando, novamente, o ciclo. Outro método é o da espiga por fileira modificado, que introduziu o uso de repetições, locais e a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, que é realizada com base na média das progênies. Para realizar a seleção dentro, as progênies são plantadas individualmente, para serem utilizadas como genitores femininos, e um bulk é constituído, com igual número de sementes de todas as progênies plantadas, para polinizar os genitores femininos. Ele consiste na coleta do conjunto de plantas da população, que são, posteriormente, misturadas e de onde pode-se constituir uma amostra para obtenção da geração posterior (BORÉM; MIRANDA, 2009). Após a avaliação de progênies, selecionam-se as melhores (entre) e um número de indivíduos dentro de cada uma delas. As sementes coletadas são utilizadas para iniciar um novo ciclo de seleção. Existe também o método que inclui testadores, que podem ser a própria população, uma linhagem endogâmica ou uma cultivar. Nesse caso, as progênies são obtidas e avaliadas. Após a seleção, cada indivíduo selecionado deverá ter uma espiga, resultante de polinização livre. Essas sementes são divididas e parte delas é destinada para avaliação das progênies, e a outra é armazenada. Das sementes remanescentes das progênies selecionadas após a avaliação, efetua-se a recombinação para condução de um novo ciclo de seleção.

Para obtenção das progênies de irmãos-completos, utilizam-se os cruzamentos controlados entre pares – genitor materno e paterno, que são conhecidos e foram previamente selecionados antes do florescimento. A polinização realizada pode ser recíproca, ou seja, o genitor materno também pode servir como genitor paterno, e vice-versa. Após a obtenção das progênies, estas são avaliadas para seleção entre progênies de irmãos-completos, para, então, proceder a recombinação entre as unidades de seleção. Os indivíduos selecionados são cruzados em pares e, simultaneamente, autofecundados (quando a espécie produz muitas sementes). As progênies de irmãos-completos são avaliadas em testes comparativos e as melhores são selecionadas. As sementes de autofecundação, que correspondem aos genitores de irmãos-completos selecionados, são semeadas em fileiras alternadas com o polinizador, constituído por uma mistura

de indivíduos selecionados. São realizados cruzamentos envolvendo todas as possíveis combinações, e as progênies de irmãos-completos que serão geradas, poderão ser avaliadas em um novo ciclo de seleção (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Famílias de irmãos-completos são bastante utilizadas no melhoramento genético de milho. Um fato importante é que o melhorista pode moldar os métodos conforme sua necessidade. Algumas espécies alógamas, como o milho, aceitam que seja realizada a autofecundação por alguns ciclos (HALLAUER et al., 2012). Isso contribui para a eliminação da carga genética. Por outro lado, algumas espécies, quando autofecundadas, exibem uma depressão endogâmica tão grande que a produção de sementes é muito baixa, inviabilizando a formação de uma nova geração. É o que acontece, por exemplo, com o eucalipto (ZANI FILHO; KAGEYAMA, 1984).

Para fixar genótipos superiores em espécies de plantas alógamas, vimos que podemos utilizar a clonagem, quando possível, ou a <u>hibridação</u>. Nas espécies que não podem ser propagadas vegetativamente, a seleção é feita via endogamia, para obtenção dos híbridos. Uma cultivar híbrida que expressa heterose é aquela produzida pelo cruzamento entre dois genitores geneticamente divergentes e com desempenho superior, podendo ser entre linhagens endogâmicas, clones ou populações. A depender do objetivo, o híbrido pode ter dois ou mais genitores, diferenciando os tipos de híbridos.



Assimile

Existem três tipos de híbridos, a saber: híbrido simples são aqueles oriundos de um cruzamento entre duas linhagens endogâmicas (A \times B); híbridos duplos são aqueles derivados do cruzamento entre dois híbridos simples, tal como [(A \times B) \times (C \times D)]; híbridos triplos são aqueles obtidos pelo cruzamento de um híbrido simples com uma outra linhagem endogâmica, por exemplo, [(A \times B) \times C].

Atualmente, os híbridos simples são predominantes no mercado, e os melhoristas continuam a desenvolver linhagens endogâmicas superiores para identificação de genitores com base nas capacidades de combinação. O híbrido simples apresenta maior produtividade e uniformidade que os híbridos duplos e os triplos. No entanto, a produção de sementes é baixa, o que as encarece, sendo seu uso indicado para produtores que utilizam condições de média à alta tecnologia. Como o vigor híbrido se expressa na primeira geração ($\boldsymbol{F}_{\!\!1}$), há necessidade de aquisição de sementes em todos os anos de plantio.

A heterose, ou vigor híbrido, pode ser definida como aumento no tamanho, no vigor, na fertilidade ou na produtividade de uma planta híbrida em relação ao desempenho médio dos pais. Em oposição, a depressão endogâmica é a redução do desempenho da planta devido à endogamia e seus efeitos são mais severos nas primeiras gerações. A base genética da heterose é explicada por duas teorias: dominância e sobredominância. Assim, o melhorista está interessado em como manipular a heterose no programa de melhoramento genético. Para isso, ele deve compreender o tipo de ação gênica envolvida e montar grupos heteróticos, que podem ser definidos como uma quantidade de genótipos relacionados ou não, de populações iguais ou diferentes, que apresentam capacidade de combinação quando cruzados (ACQUAAH, 2012).



Exemplificando

Como já vimos, conhecer a ação gênica envolvida na expressão das características de interesse no melhoramento genético é fundamental. Em função disso, algumas estratégias com base na seleção de genitores são possíveis: seleção para capacidade geral de combinação (CGC) e para capacidade específica de combinação (CEC). Para exemplificar, a CGC refere-se a um genitor paterno com boa performance e que se cruza, bem com diversos genitores maternos, produzindo progênies com boa performance. Já a CEC refere-se a um genitor paterno que, ao se cruzar especificamente com um genitor materno, produz progênies com desempenho excepcional. A CGC é mais efetiva quando a ação gênica aditiva é mais efetiva em relação às outras, e a CEC é mais adequada quando há dominância ou sobredominância. A seleção recorrente recíproca é mais efetiva quando ambos os efeitos são importantes.

Para escolher um grupo heterótico, alguns critérios devem ser seguidos, como: alto desempenho médio e variância genética na população híbrida; alto desempenho per se; boa adaptação da população parental à região de cultivo e baixa endogamia na linhagem. A linhagem empregada para obtenção do híbrido é endogâmica, portanto trata-se de um material homozigoto. Essa linhagem é obtida após sucessivas autofecundações, semelhante ao procedimento para obtenção de linhagens puras em espécies autógamas. Cerca de cinco a oito gerações são necessárias para obter uma linhagem endogâmica e também é necessário manter os registros de pedigree. As linhagens devem ser avaliadas quanto ao desempenho, e outras características agronômicas devem ser consideradas, como resistência à seca, ao acamamento e a pragas e/ou doenças (ACQUAAH, 2012).

A escolha dos genitores para obtenção dos híbridos é sempre uma decisão crucial nos programas de melhoramento genético. Essa definição depende dos objetivos específicos e do germoplasma disponível. Uma vez que as linhagens endogâmicas foram desenvolvidas, o melhorista deve identificar aquelas com maior potencial para obtenção das progênies híbridas. Para isso, o primeiro passo é realizar uma seleção fenotípica nas linhagens, eliminando as desinteressantes. O próximo passo é avaliar o desempenho das linhagens endogâmicas em experimentos mais rigorosos e avaliar as capacidades de combinação, cruzando todos com todos. A princípio, avalia-se a CGC e, em seguida, a CEC. Isso é prático e necessário para reduzir, rapidamente, o número de linhagens e o tempo de avaliação (ACQUAAH, 2012).

Algumas considerações são necessárias e fundamentais para produção de sementes híbridas com elevadas qualidades genética, física, fisiológica e sanitária. Essas considerações estão relacionadas ao campo de produção de sementes, que deve manter a área livre de plantas daninhas e patógenos, isolar a área para evitar contaminação devido à polinização por outras linhagens não selecionadas, manter condições de manejo adequadas, equilibrar a proporção entre o genitor materno e paterno, buscar sincronismo de florescimento entre as linhagens endogâmicas, utilizar menor densidade de plantas para produção de um maior número de sementes por planta, etc.



Pesquise mais

Prezado aluno, aprofunde seus conhecimentos com as dicas a seguir:

FARIA, Vinícius Ribeiro et al. Seleção recorrente recíproca na obtenção de híbridos interpopulacionais de milho-pipoca. Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 43, n. 12, p. 1749-1755, dez. 2008.

CARDOSO, Antonio Ismael Inácio. Seleção recorrente para produtividade e qualidade de frutos em abobrinha braquítica. Revista Horticultura Brasileira, v. 25, n. 2, abr.-jun. 2007.

ASSOCIAÇÃO ZEA MAIS. Seleção massal de milho regional em Lousada. 29 out. 2017.

Cabe destacar que diferentes espécies exigem diferentes métodos de melhoramento genético, e modificações podem ser realizadas para adequar as estratégias de seleção aos objetivos do melhorista, adequando o produto ao mercado e ao produtor. A partir de agora, aluno, você será capaz de mobilizar os conceitos e empregar os métodos de melhoramento genético em plantas alógamas, as quais, como vimos no início do texto, representam inúmeras espécies de interesse econômico.

Sem medo de errar

A Crop Breeding disponibilizou híbridos de milho para serem comercializados aos agricultores da região de MAPITOBA, entretanto esses genótipos foram importados da região Sudeste do Brasil e, nos ensaios comparativos de produção, os resultados indicaram que a produtividade estava abaixo da esperada, tornando necessário o desenvolvimento de um programa de melhoramento genético de milho específico para sua região. A empresa dispõe de várias populações de milho adaptadas às regiões tropicais e, para o cruzamento entre genitores, não são necessárias estruturas complexas, como as casas de vegetação. Diante disso, quais seriam os procedimentos adotados por você, melhorista, para obtenção de híbridos mais produtivos, considerando metas para serem atingidas de médio e longo prazos?

Você precisa se concentrar para atingir objetivos de médio e longo prazos que foram estabelecidos pela empresa. Como a *Crop Breeding* já dispõe de várias populações de milho adaptadas às regiões tropicais, o primeiro passo é avaliar essas populações na sua região de atuação em MAPITOBA. Uma ação importante é avaliar essas populações quanto à precocidade, uma vez que os genótipos podem ser muito precoces na região de MAPITOBA. Se os genótipos florescem antes do desenvolvimento vegetativo completo, a produção pode ser prejudicada. É preciso considerar também que, nessa região, embora as condições edafoclimáticas sejam favoráveis, existe uma grande vulnerabilidade quanto às condições de precipitação, o que pode afetar a produtividade da cultura. Os genótipos da empresa podem ser híbridos ou variedades.

Depois de escolher os genótipos que podem apresentar potencial na sua região de atuação, você deve instalar vários experimentos em diferentes locais. Após a instalação, são realizadas as avaliações e seleção. Os genótipos com melhor desempenho são avaliados em ensaios comparativos de produtividade para lançamento de cultivares a médio prazo. Para conduzir um programa de melhoramento genético de milho exclusivo para região, você pode buscar os melhores genótipos que foram selecionados nos ensaios comparativos. Após isso, é necessário desenvolver linhagens endogâmicas por autofecundação, para serem avaliadas para capacidade geral e específica de combinação. Para isso, você dispõe de campos na empresa para condução dos cruzamentos entre as linhagens e a avaliação dos híbridos. No campo, alguns cuidados devem ser tomados para evitar contaminação

e deve-se manter a proporção adequada entre o genitor paterno e materno para produção do híbrido. Após isso, são realizados os ensaios comparativos com testemunha e em vários locais e anos até o lançamento da nova cultivar.

Avançando na prática

Hibridação em mamoeiro

Descrição da situação-problema

Você é o melhorista de um instituto de pesquisa que desenvolve cultivares de mamoeiro (*Carica papaya* L.) para o estado do Espírito Santo. Esse estado representa um polo de fruticultura no Brasil e se destaca por ser um dos maiores exportadores de mamão do país. O cultivo se concentra na região norte do Espírito Santo, com cultivares tanto do grupo "Solo", comumente conhecidos como mamão papaia ou Havaí, apresentando frutos com até 600 gramas, quanto do grupo Formosa, com frutos maiores, de até 1,2 quilos (INCAPER, [s.d.]). A empresa possui um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) com mais de 100 acessos de mamoeiro, e o objetivo do programa de melhoramento genético da instituição é a obtenção de híbridos com produtividade superior e resistência a doenças e pragas, principais desafios para elevar a produção dessa fruta. A partir dessas informações, com o objetivo da obtenção de cultivares produtivos e resistentes, qual é o procedimento a ser adotado para a formação de linhagens endogâmicas e hibridação das plantas de mamoeiro?

Resolução da situação-problema

O primeiro passo é conhecer o sistema de reprodução do mamoeiro, pois ele será determinante na estrutura genética populacional. O mamão é uma espécie alógama, que possui plantas com flores hermafroditas ou flores unissexuais em indivíduos distintos (dioicia). Para produção de linhagens endogâmicas, é necessário avaliar todos os acessos do BAG. Essa avaliação deve ser dirigida para seleção das plantas que possuem flores hermafroditas e que apresentam características agronômicas de interesse, dando especial atenção para a presença de doenças e pragas. Flores hermafroditas formam frutos alongados e esse formato é preferido pelo mercado consumidor (CEPLAC, 2018). É importante que a avaliação inclua características de frutos, pois o produto final deve ser atraente e saboroso para os consumidores. Plantas com sintomas devem ser desconsideradas para dar

continuidade à seleção. Após a seleção dos acessos de plantas com flores hermafroditas, inicia-se a condução das autofecundações para formação das linhagens endogâmicas. Após gerações de autofecundação, as linhagens são avaliadas considerando as características de resistência a pragas e doenças e a produtividade. As linhagens endogâmicas são cruzadas entre si, todos com todos, e as progênies híbridas são avaliadas. No primeiro momento, busca-se a seleção de genitores com base na Capacidade Geral de Combinação (CGC) e, depois, para Capacidade Específica de Combinação (CEC). A partir dessas avaliações, são eleitos os genitores para produção de híbridos, principalmente, entre aqueles que apresentam alta CEC. Os híbridos são novamente obtidos e testados em experimentos com repetições e testemunhas. Após a seleção dos melhores híbridos, os experimentos são multiplicados em locais diferentes até a seleção do melhor ou dos melhores híbridos, para lançamento aos produtores do norte do Espírito Santo.

Faça valer a pena

1. Entre os sistemas sexuais das plantas, destaca-se a monoicia, a dioicia e o hermafroditismo. Para evitar a autofecundação e favorecer a alogamia, alguns mecanismos podem interferir, como a protandria, protoginia, autoincompatibilidade, macho-esterilidade, etc.

Sobre a alogamia, assinale a única alternativa correta:

- a) Alelos letais, semiletais e deletérios não permanecem camuflados nos locos em heterozigose.
- b) A variabilidade genética está associada, exclusivamente, aos locos heterozigotos.
- c) Os genitores não transferem seus genótipos para seus descendentes, assim como plantas autógamas.
- d) Melhora a constituição genética de um indivíduo em detrimento das propriedades populacionais.
- e) A fixação de genótipos é possível apenas com a clonagem.
- 2. Um pequeno agricultor possui um talhão com árvores de eucalipto que completaram sete anos. Antes de proceder com o corte das árvores, o agricultor decide fazer uma vistoria na área para coletar sementes que possam ser utilizadas para a formação de novas mudas, em substituição às que serão cortadas. Após visualizar as árvores, o agricultor decide coletar sementes em algumas árvores que ele marcou.

Intuitivamente, o agricultor está realizando qual método de seleção?

- a) Seleção recorrente recíproca com base no genótipo.
- b) Seleção em teste de progênies de meios-irmãos.

- c) Seleção interpopulacional genotípica.
- d) Seleção massal fenotípica.
- e) Ele não está utilizando nenhum método.
- 3. O melhoramento genético de espécies alógamas prioriza o aumento do desempenho médio da população como um todo. O mogno africano é uma espécie que produz uma madeira nobre e de alto valor comercial. Vamos imaginar que foram identificadas duas populações de mogno (de bases genéticas distintas), em diferentes regiões geográficas distintas e isoladas da África. Um instituto de pesquisa se interessou por elas e amostrou indivíduos das duas populações. A partir da coleta de sementes nas melhores árvores, foram instalados dois testes de progênies para condução do programa de melhoramento genético. Após ciclos de avaliação, seleção e recombinação em cada população, houve o cruzamento entre os genótipos das duas populações.

Considerando a descrição do texto-base, a qual método de melhoramento genético essa situação se refere?

- a) Seleção recorrente fenotípica.
- b) Seleção recorrente genotípica.
- c) Seleção recorrente recíproca intrapopulacional.
- d) Seleção recorrente interpopulacional.
- e) Seleção recorrente intrapopulacional.

Vegetais: interação genótipo e ambiente

Diálogo aberto

Você já parou para pensar como seria simples se pudéssemos trazer dos Estados Unidos os melhores híbridos de milho, garantindo que todo potencial produtivo explorado naquele ambiente também pudesse ser alcançado no Brasil? Com certeza, se isso fosse possível, não teríamos a grande demanda por profissionais especializados na área de melhoramento genético. Felizmente, essa não é a realidade. Em geral, existe uma resposta diferenciada dos genótipos quando submetidos a ambientes diferentes. Esse fenômeno recebe o nome de Interação entre Genótipos e Ambientes (IGA). A IGA é fundamental para o melhoramento genético, seja para seleção de genitores ou recomendação de cultivares. É importante ressaltar que a IGA é um fenômeno biológico que faz parte do processo evolutivo das espécies e permite o aparecimento de genótipos adaptados a ambientes específicos e outros aptos a vários ambientes (LAVORANTI, 2003).

Associado a isso, o desenvolvimento de cultivares produtivas é um dos principais objetivos nos programas de melhoramento genético. Na fase final desse processo, é importante avaliar os genótipos em vários locais e anos, de modo a garantir que a recomendação seja a mais assertiva possível e que o potencial produtivo de uma cultivar indicada para os produtores de determinada região seja alcançado.

Levando em conta esse cenário, você, engenheiro agrônomo, foi contratado pela empresa Crop Breeding do Brasil para atuar efetivamente na condução dos programas de melhoramento genético de soja e milho. Essas duas culturas representam importância econômica fundamental para a nova fronteira agrícola, conhecida como MAPITOBA (Maranhão, Piauí, Tocantins e Bahia), região onde uma filial da empresa foi recentemente instalada. A região de MAPITOBA abrange uma área de 73 milhões de hectares (RIBEIRO, 2015) e engloba diferentes condições de precipitação média mensal, tipo de solo, temperatura média mensal e relevo (chapada ou vales). Em razão disso, a Crop Breeding solicitou que você mapeasse as áreas de maior influência da empresa e entrasse em contato com alguns clientes e produtores para a instalação de experimentos de soja e milho em suas propriedades. Você atendeu à requisição da empresa e planejou a implantação de experimentos em diversos municípios de MAPITOBA, escolhidos com base em informações edafoclimáticas desses locais. Os cultivares de soja e de milho que você desenvolveu no programa de melhoramento genético

serão os materiais avaliados. O objetivo da empresa com essa investigação é avaliar os efeitos da interação entre genótipos e ambientes e minimizá-los ou capitalizá-los para atender melhor a demanda dos produtores. Diante desse contexto, como você faria a implantação desses experimentos, de modo a torná-los menos onerosos para a empresa e mais eficientes do ponto de vista de avaliação da IGA e recomendação de genótipos? Em posse dos dados de produtividade que foram gerados por esses experimentos, como pode ser classificada a magnitude da interação entre genótipos e ambientes? Como aproveitar esse fenômeno, empregando os conceitos de estabilidade e adaptabilidade?

A partir desse desafio, você será capaz de saber averiguar a IGA e propor recomendações importantes de cultivares e continuidade do programa de melhoramento genético com a seleção de genitores mais estáveis e/ou adaptados.

Não pode faltar

O maior objetivo do programa de melhoramento genético é identificar o genótipo superior que possa ser lançado como uma nova cultivar para os produtores de uma região. Para isso, a recomendação desse novo material requer a avaliação dos genótipos promissores em vários locais, por pelo menos dois anos (BESPALHOK, [s.d.]), para garantir, por meio de ensaios comparativos, que aquela cultivar apresenta produtividade, alta estabilidade e ampla adaptabilidade, garantindo segurança ao produtor a respeito do potencial genético daquela semente que ele está adquirindo.

Ao comportamento diferencial dos genótipos em relação a diferentes condições ambientais, dá-se o nome de Interação entre Genótipos e Ambientes (IGA). Vamos exemplificar o fenômeno da IGA: o Mato Grosso é o maior estado produtor de soja no Brasil, com cerca de 9,5 milhões de hectares plantados e produtividade de 3350 kg ha⁻¹ (EMBRAPA, 2018a). Já o Paraná, segundo maior produtor dessa leguminosa, possui uma área plantada de 5,4 milhões de hectares e produtividade de 3503 kg ha⁻¹, portanto, superior ao estado de Mato Grosso (EMBRAPA, 2018a). Você acha que os cultivares utilizados pelos produtores do Paraná são os mesmos recomendados para os produtores do Mato Grosso? Certamente, não! Isso porque para cada região produtora existe uma recomendação específica de cultivares que visa maximizar o potencial produtivo. As condições edafoclimáticas, os sistemas produtivos, o pacote tecnológico, entre outros fatores, diferem entre as regiões, e isso tem forte influência sobre o comportamento dos genótipos.

As características fenotípicas que medimos quando estamos avaliando indivíduos são resultado do efeito conjunto do genótipo (constituição

genética), ambiente específico e interação que ocorre entre esses fatores. As características métricas, de maior interesse econômico, são características quantitativas, por isso, são determinadas por um grande número de locos gênicos, com pequeno efeito (poligenes) e muito influenciadas pelo ambiente.

Recorde-se do modelo biológico que descrevemos em seções anteriores: F = G + A, em que: F refere-se ao fenótipo, G ao genótipo e A ao ambiente. Naquela ocasião, havíamos desconsiderado a IGA para fins didáticos. No entanto, na prática, esse fenômeno jamais deve ser desconsiderado. Para determinar o valor de F, o efeito da IGA deve ser somado aos efeitos de G e A, portanto F = G + A + IGA. A IGA é fundamental para o melhoramento genético, pois dificulta a seleção e a recomendação de genótipos (BESPALHOK, [s.d.]). De acordo com Namkoong, Snyder e Stonecyipher (1966), a interação pode gerar estimativas errôneas e inflacionadas de variação genética, influenciando diretamente o ganho de seleção, dificultando, consequentemente, a recomendação de genótipos com ampla adaptabilidade.

Dessa forma, conhecer as relações entre fenótipos, genótipos e ambientes é importante para auxiliar a predição mais precisa da resposta dos genótipos à seleção (SQUILASSI, 2003). Nós já vimos que a herdabilidade é um parâmetro essencial no melhoramento genético. Se as expressões do genótipo e do fenótipo se alteram com as condições do ambiente, podemos esperar que esse parâmetro também será alterado. Em ambientes heterogêneos, a

IGA pode afetar consideravelmente a herdabilidade de muitas características

(
$$h^2 = \frac{S_A}{S_F} = \frac{S_A}{S_A + S_E + S_{IGA}}$$
, em que S_A representa a variância genética aditiva;

 S_F , a variância fenotípica; S_E , a variância ambiental; e S_{IGA} , a variância da IGA) (SQUILASSI, 2003). No entanto, existem organismos que podem se ajustar à variação ambiental por meio de sua **plasticidade fenotípica**. Pigliucci (2001) define plasticidade fenotípica como a capacidade de um genótipo exibir vários fenótipos em resposta às variações de ambiente. Para Ribeiro e Rodrigues (2006), a habilidade de um organismo de alterar sua fisiologia e/ou morfologia, em decorrência de sua interação com o ambiente, consistindo em um mecanismo adaptativo importante e gerador de variabilidade fenotípica.

De acordo com Borém e Miranda (2009), as condições edafoclimáticas, associadas às práticas culturais, à ocorrência de patógenos e a outras variáveis que afetam o desenvolvimento das plantas, são denominadas de <u>ambiente</u> (A). As condições ambientais que contribuem para as interações com os genótipos podem ser classificadas em previsíveis e imprevisíveis. A primeira engloba variações de ambiente distintas de região para região,

como características de solo (por exemplo: tipo de solo, fertilidade e toxidez por alumínio), clima e aquelas que flutuam de maneira sistemática, como comprimento do dia, grau de insolação, etc. Já as variações imprevisíveis compreendem as condições climáticas que incidem em uma mesma região e que não são possíveis de se prever com segurança, como a quantidade e distribuição de chuva, as oscilações de temperatura, o ataque de patógenos e pragas, etc. (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Para avaliar os efeitos desses fatores que incidem sobre o genótipo, os melhoristas utilizam, por exemplo, a instalação de ensaios em diferentes locais (interação genótipos × ambientes), diferentes anos (interação genótipos × anos) ou a combinação entre ambos (interação genótipos × ambientes × anos). É importante que você perceba que o ambiente é um fator bastante variável, assim como os anos agrícolas em que as cultivares são plantadas.



Reflita

As alterações climáticas representam uma realidade mundial. Sendo assim, as condições ambientais oscilam, influenciando a interação entre genótipos e ambientes. Diante desse contexto, você acredita que as alterações climáticas terão reflexo para o melhoramento genético e a evolução de plantas? Quais implicações poderiam ocorrer sobre o cultivo das cultivares comerciais? Reflita sobre isso e não se esqueça que este é um fenômeno biológico.

Para avaliar a IGA, é necessário obter as medidas quantitativas para as características de interesse em vários ambientes, anos ou ambos. Após a obtenção dos dados quantitativos, eles são submetidos a análises estatísticas para avaliar a magnitude e significância da interação IGA. Geralmente, utiliza-se a análise de variância conjunta para tal finalidade e, em seguida, a depender dos resultados, outras análises mais detalhadas são aplicadas aos dados. Quando um genótipo é submetido a ambientes diferentes, espera-se uma variação maior no valor fenotípico, mais do que aquela que ocorre a nível de um experimento, pois ele está sujeito apenas ao microambiente daquele local, e o valor genotípico é estimado com base na média de locais. Em experimentos de campo, as diferenças ambientais podem ocorrer entre covas dentro de uma parcela experimental ou entre parcelas dentro de um mesmo experimento (CHAVES, 2001).

No programa de melhoramento genético, é comum se estabelecer o ranking de indivíduos ou famílias com base nos seus desempenhos fenotípicos, principalmente, para o momento de realizar a seleção. No caso de experimentos instalados em vários locais, esse ranking serve como um

balizador para o melhorista que avalia a posição de cada genótipo em relação à média da população e entre si. Quando se observam mudanças de ranking entre os genótipos, há indícios de ocorrência de IGA, sendo importante proceder a avaliação concreta associada à significância e à magnitude.

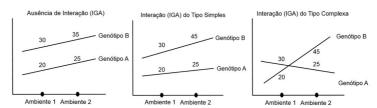
A IGA pode ser ausente (IGA nula), ou ser dos tipos simples ou complexa. Vamos conhecê-las! A IGA do tipo simples é proporcionada pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes e não ocorrem alterações no ranking (classificação) dos genótipos. Já na IGA do tipo complexa ocorre alteração no ranking, sendo verificadas respostas diferentes dos genótipos em relação às variações ambientais. Esta última representa o principal incômodo ao trabalho dos melhoristas, dificultando a seleção e recomendação de genótipos (BESPALHOK, [s.d.]), sendo muito comum sua ocorrência, tanto em plantios comerciais como experimentos.



Exemplificando

Vamos utilizar um exemplo gráfico para verificar o comportamento fenotípico de dois genótipos A e B, em dois ambientes: 1 e 2.

Gráfico 2.1 | Demonstração da ocorrência da interação entre genótipos e ambientes (IGA)



Fonte: adaptado de Acquaah (2012).

Em geral, a avaliação da IGA ocorre nos ensaios finais do programa de melhoramento genético, em testes comparativos de produtividade. Em quase todas as circunstâncias, a probabilidade para o desenvolvimento de uma cultivar recomendada para uma região extensa é muito pequena; em função disso, há necessidade de uma recomendação mais assertiva e segura para garantia de produtividade ao produtor. Essa etapa constitui uma das fases mais trabalhosas e onerosas dos programas e pretende avaliar um grupo de genótipos em quatro ou mais ambientes (locais), por dois ou mais anos, utilizando um delineamento estatístico (geralmente, delineamento em blocos casualizados), com três ou mais repetições (BORÉM; MIRANDA, 2009).

A importância da IGA varia de acordo com a espécie, as características agronômicas avaliadas e a extensão da região. Os locais escolhidos para instalação dos ensaios comparativos de produtividade devem ser representativos da região para a qual os genótipos serão recomendados. No entanto, é comum que esses ensaios sejam conduzidos nas áreas que estão disponíveis para a pesquisa das empresas ou instituições públicas. Em geral, os programas de melhoramento genético abrangem regiões determinadas, definidas em função de fatores geográficos, tecnológicos, comerciais, etc. (CHAVES, 2001), relacionados à cultura de interesse. De acordo com Borém e Miranda (2009), o ambiente ideal para avaliação de genótipos deve: favorecer a expressão do potencial dos genótipos; maximizar a variância genética; minimizar a variância ambiental e da IGA; ter características consistentes de ano para ano; proporcionar aos genótipos selecionados condição para que se desenvolvam bem e para que seu comportamento seja o mesmo quando cultivados nos ambientes a qual se destinam; por fim, ser acessível. Durante essa etapa, também é importante otimizar a alocação de recursos e dos custos operacionais. Borém e Miranda (2009) afirmam que aumentar o número de repetições é menos oneroso do que o número de locais, e este último é menos oneroso do que o número de anos de avaliação, sendo que, sempre que possível, recomenda-se substituir ano por localidade, em benefício da redução do tempo gasto no desenvolvimento de novos cultivares.

Após definir os locais, realizar o planejamento do delineamento experimental que será utilizado nos ensaios, instalar os ensaios, avaliar e coletar os dados fenotípicos das características de interesse, é hora de realizar as análises estatísticas. Caso o resultado da análise estatística não seja significativo, a situação é simples: a recomendação de cultivares pode ser feita apenas com base na média geral, e o número de ensaios de avaliação poderia ser diminuído nas avaliações posteriores. Já se a IGA é significativa, caso mais comum, deve-se questionar: a recomendação de cultivares pode ser generalizada para toda região (IGA simples) ou deve ser particularizada para sub-regiões (IGA complexa)? Portanto, se existe IGA, como fazer isso?

O objetivo principal do melhoramento é o desenvolvimento de cultivares altamente produtivos, e o êxito desta tarefa está associado ao acerto na escolha dos melhores genótipos. Como vimos, essa escolha adequada esbarra na influência dos fatores ambientais. Para minimizar os efeitos da IGA e, consequentemente, reduzir o comportamento muito distinto entre os genótipos, pode-se eleger três opções: realizar o zoneamento agroclimático; identificar genótipos específicos para cada ambiente e/ ou identificar genótipos com maior estabilidade (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

Embora sejam fenômenos relacionados, a adaptabilidade e a estabilidade não se referem ao mesmo efeito, pois a adaptabilidade está relacionada à resposta do genótipo a um estímulo ambiental, enquanto a estabilidade expressa a constância da resposta ao estímulo (BESPALHOK, [s.d.]).



Assimile

É importante que você assimile esses conceitos e não os confunda: a adaptabilidade se refere à capacidade dos genótipos aproveitarem vantajosamente os estímulos do ambiente, enquanto a estabilidade se refere à capacidade dos genótipos em mostrar um comportamento altamente previsível mesmo em um ambiente sujeito a variações ambientais (BORÉM; MIRANDA, 2009).

A adaptabilidade e a estabilidade de uma cultivar dependem da constituição genética ou, então, do número de genótipos que a constitui e da sua heterozigosidade. Esses fatores permitem a cultivar responder às condições do ambiente, sejam elas favoráveis ou não. Uma cultivar ideal deve possuir produtividade elevada e, em diferentes condições ambientais, esse desempenho deve se manter estável.

Com relação à estabilidade, esta pode ser estática ou dinâmica, sendo que a primeira se refere a um comportamento constante do genótipo, independentemente das variações do ambiente, e não apresenta qualquer desvio em relação ao seu desempenho. Esse tipo de estabilidade é desejável quando o objetivo é preservar determinada característica genética, como a resistência à determinada doença (BORÉM; MIRANDA, 2009). Já um genótipo que apresenta estabilidade dinâmica responde às variações do ambiente de forma previsível, assim, somente desvios relacionados à sua reação geral contribuem para a instabilidade (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Outro conceito importante e relacionado à estabilidade de um organismo é o de homeostase, que se refere à propriedade de adaptação dos organismos às variações do ambiente, que permite sua estabilização em ambientes flutuantes. A homeostase pode ser genética ou de desenvolvimento. Vamos ver as diferenças entre elas!

A primeira é a habilidade da população em equilibrar sua composição genética e resistir às mudanças bruscas de ambiente, enquanto a segunda baseia-se na habilidade do indivíduo para responder a variações do ambiente, por meio de alterações fisiológicas ou estruturais (BORÉM; MIRANDA, 2009). Allard e Bradshaw (1964) afirmam que populações heterozigóticas e heterogêneas parecem oferecer maior oportunidade para a produção

de cultivares que demonstram pequena IGA. Sendo assim, como seria o comportamento de uma variedade de milho de polinização aberta e um híbrido simples, altamente heterozigótico? A variedade de milho constitui uma população heterozigótica e heterogênea, enquanto o híbrido, mesmo sendo altamente heterozigótico, constitui uma população homogênea, composta por genótipos idênticos. Dessa forma, a comparação entre as duas populações nos permite inferir que a variedade oferece maior oportunidade para demostrar baixa IGA.

Existem disponíveis vários pacotes estatísticos com modelos apropriados para analisar a estabilidade e a adaptabilidade. Entre eles, destacam-se os programas Genes (CRUZ, 2013) e Selegen (RESENDE, 2016), bastante utilizados por melhoristas que trabalham com as mais diversas culturas. Por meio de análises genético-estatísticas que vão avaliar a IGA e decompor seus efeitos, assim como o uso de métodos para obter informações pormenorizadas de estabilidade e adaptabilidade, é possível realizar a recomendação de genótipos, especificando as regiões em que cada cultivar deve ser plantada. Essa recomendação é denominada de zoneamento agroecológico ou estratificação ambiental. Os vários locais de teste onde os genótipos são avaliados devem ser representativos da região que eles serão recomendados (BRANQUINHO et al., 2014). Normalmente, a recomendação de genótipos é realizada considerando duas estratégias: a primeira é a identificação dos genótipos de ampla adaptabilidade para recomendação a um conjunto de ambientes heterogêneos; e a segunda é a recomendação de indivíduos adaptados a ambientes específicos, visando capitalizar o efeito da interação (ROCHA et al., 2005). A maioria dos estudos de IGA é direcionada para avaliar a estabilidade e adaptabilidade, sendo o restante dirigido para estratificação ambiental ou zoneamento ecológico (BRANQUINHO et al., 2014).

O zoneamento agroecológico é uma ferramenta que caracteriza e delimita zonas ecológicas que se referem a áreas homogêneas para produção agrícola, com o objetivo de otimizar o uso do solo e fornecer subsídios para pesquisa agrícola, assistência técnica e extensão rural (EMBRAPA, 2018b). Desse modo, no melhoramento genético, o zoneamento está associado à recomendação de cultivares.

Para elaborar o zoneamento agroecológico, os dados quantitativos dos fenótipos são submetidos a análises de dissimilaridade (ou similaridade) entre ambientes, baseando-se na interação provocada. Após determinar a matriz de distâncias entre os ambientes, o próximo passo consiste em uma análise de agrupamento, com o objetivo de agrupar os ambientes mais similares para formar sub-regiões mais homogêneas. Obtidos os padrões de regionalização, os resultados devem ser confrontados com fatores previsíveis do ambiente. Para validar a regionalização, pode-se comparar os resultados de diferentes

anos. Caso os padrões sejam consistentes, há maior segurança para proceder a recomendação. Mesmo que não seja possível propor a recomendação regionalizada, o estudo entre pares de ambientes pode ser muito útil para avaliações futuras (CHAVES, 2001).



Exemplificando

Vamos imaginar um experimento de 40 linhagens de feijão, plantadas em oito ambientes diferentes. Para verificar a IGA, os pesquisadores utilizaram a análise de variância conjunta e verificaram a existência de IGA significativa e de alta magnitude. A partir dos dados fenotípicos de produtividade, os pesquisadores verificaram a IGA entre ambientes dois a dois, utilizando a medida de dissimilaridade entre ambientes. Essa medida permitiu o agrupamento de três regiões, de modo a formar três sub-regiões homogêneas. A partir dessa regionalização, o agrupamento foi confrontado com características, como tipo de solo, altitude e latitude. Os resultados de agrupamentos foram consistentes com as características edafoclimáticas, a permitir a regionalização das 40 linhagens em três sub-regiões, sendo: 5 genótipos na sub-região A, 20 genótipos na sub-região B e 15 genótipos na sub-região C. Caso fosse observada alguma inconsistência entre as sub-regiões e as características edafoclimáticas previsíveis, seria necessário (e recomendado) ampliar o estudo para vários anos, para identificar fatores não previsíveis que estariam atuando para elevar a IGA (CHAVES, 2001).



Pesquise mais

Prezado aluno, busque aprofundar seu conhecimento sobre a interação entre genótipos e ambientes e a aplicabilidade dos conceitos de estabilidade e adaptabilidade. Para isso, pesquise mais em:

AGUIAR, G. A. et al. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo de linhagens de arroz irrigado (Oryza sativa L.) no Rio Grande do Sul. Revista da Jornada da Pós-graduação e Pesquisa - Congrega URCAMP, 2017. .

PUPIN, S. et. al. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de polinização aberta de Eucalyptus urophylla S. T. Blake. Revista Scientia Forestalis, v. 43, n. 105, p. 127-134, mar. 2015.

Sem medo de errar

A Crop Breeding solicitou que você mapeasse as áreas de maior influência da empresa e entrasse em contato com alguns clientes e produtores para a instalação de experimentos de milho e soja em suas propriedades. Você atendeu à requisição da empresa e planejou a implantação de experimentos em diversos municípios de MAPITOBA, escolhidos com base em informações edafoclimáticas desses locais. O objetivo é avaliar os efeitos da Interação entre Genótipos e Ambientes (IGA) e minimizá-los ou capitalizá-los para atender melhor a demanda dos produtores.

Você elencou as diversas regiões de MAPITOBA e, agora, conhece as condições de cada uma delas.

Diante desse contexto, como você recomendaria a implantação desses experimentos, de modo a torná-los menos onerosos para a empresa e mais eficientes? Em posse dos dados de produtividade que foram gerados por esses experimentos, como pode ser classificada a magnitude da interação entre genótipos e ambientes? Como aproveitar esse fenômeno, empregando os conceitos de estabilidade e adaptabilidade?

A partir desse momento, você deve eleger as áreas mais representativas onde serão instalados os ensaios comparativos de produtividade. Lembre-se de escolher locais com condições distintas para conduzir os experimentos. É importante que esses locais ofereçam oportunidade para os genótipos expressarem todo seu potencial genético. Após essa etapa, o passo seguinte é selecionar o grupo de genótipos de soja e milho que você trabalhará. Esse grupo deve conter os melhores genótipos que foram desenvolvidos no programa de melhoramento genético, além de ser representativo dentro do seu banco de germoplasma.

Como esta será sua primeira avaliação de IGA, é importante que você busque instalar o experimento em várias localidades com condições edafoclimáticas distintas. Com o passar dos anos e com mais experiência a respeito da região, você pode reduzir o número de locais e aumentar o número de repetições, o que seria menos oneroso para a empresa. Da mesma forma, nesse primeiro momento, é importante que sua avaliação seja realizada por, no mínimo, dois anos e, novamente, no futuro, você poderá substituir a avaliação de anos, aumentando o número de localidades. No entanto, se os locais que você selecionou para instalar a rede experimental apresentarem condições climáticas constantes, é possível que um ano de avaliação seja suficiente. Isso auxilia a reduzir o tempo para o desenvolvimento de novos cultivares e a empresa ganha eficiência nesse processo.

Eleitos os locais e genótipos, é hora de planejar como os experimentos serão instalados. O ideal é utilizar, nesse momento, o delineamento de blocos casualizados, com, no mínimo, três repetições. Essa etapa requer bastante cuidado, pois você deverá conhecer a área disponível para instalação dos experimentos de cada produtor que aceitou fazer parte da rede experimental e, assim, realizar o dimensionamento da melhor forma possível.

Montada a rede experimental, os dados devem ser coletados e, após isso, avaliados. Você deve utilizar uma análise de variância conjunta para investigar se o efeito da IGA é significativo e qual sua magnitude, permitindo classificá-la em simples ou complexa. No caso, se a IGA for do tipo simples, a recomendação dos melhores genótipos poderá ser realizada para todos os locais de abrangência da rede experimental. Caso contrário, se a IGA for complexa, isso demandará maiores cuidados e você deverá proceder com as análises de estabilidade e adaptabilidade. Nessa etapa, você poderá minimizar os efeitos da IGA de três maneiras: dividir a região em sub-regiões homogêneas, por meio da verificação da interação entre pares de locais; selecionar os genótipos que apresentaram maior estabilidade de produção nos ambientes; selecionar genótipos que apresentaram produtividades maiores em ambientes específicos.

Portanto, esse desafio propôs a você solucionar uma importante questão para a empresa na qual trabalha e, a partir de agora, você pode recomendar genótipos de milho e soja, com produtividade estável, em uma gama de ambientes e/ou genótipos produtivos adaptados a ambientes específicos.

Avançando na prática

Programa de Melhoramento Genético do Instituto de Pesquisa Criar

Descrição da situação-problema

O Instituto de Pesquisa CRIAR, localizado em Rondonópolis/MT, almeja desenvolver um projeto conjunto de melhoramento genético de girassol, englobando universidades do Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Goiás e Tocantins, que procuram desenvolver genótipos de girassol para serem utilizados nos plantios de inverno e safrinha. O objetivo desse projeto é lançar cultivares adaptados à região do Cerrado. Você, engenheiro agrônomo do CRIAR, foi consultado para auxiliar o

desenvolvimento desse programa de melhoramento genético, sendo colocado como um dos coordenadores do projeto, representante do Instituto. Quais seriam os procedimentos iniciais para a criação desse programa de melhoramento genético? Qual é a implicação em selecionar genótipos em um único local (Rondonópolis), se o objetivo é o lançamento de cultivares para atender a região do Cerrado? Como você faria para minimizar esses efeitos?

Resolução da situação-problema

Como sugestão, o primeiro passo é montar uma rede experimental nessa região, criando um programa cooperativo entre as instituições participantes. Esse programa inicia-se com a caracterização das condições de clima, solo, temperatura, precipitação, etc. de cada um dos locais onde as universidades estão localizadas. Também, é necessário fundar a base genética de girassol que será trabalhada no programa de melhoramento genético. Sendo assim, você, como um dos coordenadores do projeto, pode solicitar para as instituições associadas o envio de genótipos de girassol que cada uma desenvolveu nos seus programas individualizados, para avaliação da interação entre genótipos e ambientes. Após reunir os materiais genéticos, você deverá distribuir, entre as instituições associadas, as sementes desses genótipos, para que elas iniciem a instalação dos ensaios comparativos. Após a instalação da rede experimental, avaliação e análise dos dados, caso a interação entre genótipos e ambientes seja significativa e de alta magnitude, como esperado, devido à extensa área abrangida pelo programa cooperativo, devem ser realizadas as análises de estabilidade, adaptabilidade e estratificação ambiental. Apesar de Rondonópolis abrigar a instituição coordenadora do projeto, a seleção de genótipos para o desenvolvimento de cultivares não deve ser realizada apenas neste local, pois as condições não são as mesmas para todas as demais regiões do Cerrado, e isso resultaria em perdas expressivas de produtividade. Portanto, deve-se delimitar as zonas de melhoramento genético a partir da estratificação ambiental, ou seja, onde os processos de seleção deverão ocorrer, de modo a criar subdivisões com condições mais homogêneas, onde os cultivares selecionados serão os mesmos que os cultivares recomendados. Além disso, é possível indicar genótipos estáveis, com desempenho previsível e genótipos adaptados que aproveitem, vantajosamente, os estímulos do ambiente. Assim, apesar da grande área abrangida pelo programa cooperativo, é possível minimizar os efeitos da interação entre genótipos e ambientes ou aproveitar esses efeitos, selecionando genótipos mais produtivos em ambientes específicos.

1. A interação entre genótipos e ambientes é um fenômeno biológico que influencia no melhoramento genético. De acordo com Cruz e Regazzi (2001), as causas da interação são atribuídas a fatores fisiológicos e bioquímicos inerentes a cada indivíduo. Como os genótipos se desenvolvem em sistemas dinâmicos, nos quais as mudanças são constantes, existe, geralmente, um comportamento diferenciado de cada um, em termos de resposta às variações ambientais.

Existem diversos fatores associados às causas da interação entre genótipos e ambientes. Em relação a isso, assinale a única alternativa verdadeira:

- a) As condições ambientais não afetam a expressão dos genótipos.
- b) A interação entre genótipos e ambientes está associada apenas aos fatores imprevisíveis que incidem sobre os genótipos.
- c) O manejo aplicado na cultura não é uma causa de interação entre genótipos e ambientes.
- d) As causas da interação entre genótipos e ambientes está relacionada aos fatores do ambiente previsíveis e imprevisíveis.
- e) A incidência de pragas e patógenos deve ser desconsiderada como causa da interação entre genótipos e ambientes.
- **2.** O estudo conduzido por Barili et al. (2015), com 40 cultivares de feijão em dois ambientes e duas safras (seca e inverno), indicou a presença de interação significativa entre genótipos e ambientes, em razão das condições climáticas distintas dos locais e das safras de avaliação. Pormenorizando essas informações, os autores indicaram que 92,5% das cultivares demostraram a capacidade de aproveitar vantajosamente as variações do ambiente, e 80% das cultivares mostraram alta previsibilidade. Além disso, foram detectadas médias elevadas de produtividade e a classificação em três grupos: A e B médias elevadas (maioria dos cultivares) e C médias inferiores à média geral.

Com base no texto apresentado, assinale a alternativa correta:

- a) A maioria dos cultivares demonstrou apenas a capacidade de estabilidade.
- b) A maioria dos cultivares demonstrou apenas a capacidade de adaptabilidade.
- c) Não é possível fazer seleção considerando a característica de produtividade.
- d) É possível conduzir a seleção para adaptabilidade, mas os genótipos não serão os mais produtivos.
- e) É possível conduzir a seleção para produtividade, adaptabilidade e estabilidade, simultaneamente.

3. Considere dois clones de seringueira (*Hevea brasiliensis*), plantados em dois ambientes distintos. Considere que o valor genotípico do clone A é de 20 e do clone B é de 25; o valor do ambiente 1 é 5 e do ambiente 2 é 10. Considere os valores da interação entre genótipos e ambientes: $(A \times 1) = 10$; $(A \times 2) = 25$; $(B \times 1) = 5$ e $(B \times 2) = 10$.

A interação entre genótipos e ambientes é de que tipo?

- a) Nula.
- b) Estabilidade estática.
- c) Complexa.
- d) Estabilidade dinâmica.
- e) Simples.

ACQUAAH, G. Principles of plant genetics and breeding. 2. ed. Chichester: John Wiley & Sons, 2012. 740 p.

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381 p.

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, p. 503-507, 1964.

BAENZIGER, P. S. et al. **Plant breeding and genetics**. 2017. Disponível em: http://www.cast-science.org/publications/index.cfm?plant_breeding_and_genetics&show=product&productID=284583. Acesso em: 2 out. 2018.

BARILI, L. D. et al. Adaptabilidade e estabilidade e a produtividade de grãos em cultivares de feijão preto recomendadas no Brasil nas últimas cinco décadas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 11, p. 1980-1986, 2015.

BESPALHOK, J. C. F. Interação genótipo ambiente. [s.d.]. Disponível em: http://www.bespa. agrarias.ufpr.br/paginas/livro/Capitulo%2017.pdf. Acesso em: 23 out. 2018.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. Melhoramento de plantas. 5. ed. Viçosa, MG: UFV, 2009. 529 p.

BRANQUINHO, R. G. et al. Estratificação ambiental e otimização de rede de ensaios de genótipos de soja no Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 10, p. 783-795, 2014.

CARVALHO, A. D. F.; SILVA, G. O. A importância do melhoramento genético e de sistemas de produção para a sustentabilidade da agricultura brasileira. 2017. Disponível em: https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/164846/1/Sustentabilidade-e-horticultura-112-138. pdf. Acesso em: 2 out. 2018.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L. et al. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001.

COMISSÃO EXECUTIVA DO PLANO DA LAVOURA CACAUEIRA. CEPLAC. **Sexagem do mamoeiro e sua aplicação na produção**. [s.d.]. Disponível em: http://www.ceplac.gov.br/radar/Artigos/artigo39.htm. Acesso em: 9 nov. 2018.

CRUZ, C. D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2001. 390 p.

DEL GUERCIO; A. M. F.; CAMARGO, C. E. O. Herança da tolerância à toxicidade de alumínio em trigo duro. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 4, p. 755-780, 2011.

EMBRAPA. **Soja em números (safra 2017/2018)**. 2018a. Disponível em: https://www.embrapa.br/soja/cultivos/soja1/dados-economicos. Acesso em: 20 out. 2018.

_____. Zoneamento Agroecológico. 2018b. Disponível em: https://www.embrapa.br/tema-zow neamento-agroecologico/nota-tecnica. Acesso em: 18 nov. 2018.

HALLAUER, A. R. Evolution of plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, p. 197-206, set. 2011. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?pild=S1984-70332011000300001&script=sci_arttext&tlng=es. Acesso em: 29 out. 2018.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA-FILHO, J. B. Quantitative genetics in maize breeding. Handbook of plant breeding. 2. ed. Nova York: Springer-Verlag, 2012. 664 p.

INSTITUTO CAPIXABA DE PESQUISA, ASSISTÊNCIA TÉCNICA E EXTENSÃO RURAL. INCAPER. **Polos de Fruticultura - Mamão**. Disponível em: https://incaper.es.gov.br/fruticultug ra-mamao. Acesso em: 13 out. 2018.

LAVORANTI, O. J. Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem "bootstrap" no modelo AMMI. 2003. 166 f. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"- ESALQ, Universidade de São Paulo- USP, Piracicaba, 2003.

MARQUES, F. Recompensa no prato. **Revista Pesquisa FAPESP**, São Paulo, ed. 271, set. 2018. Disponível em: http://revistapesquisa.fapesp.br/2018/09/18/recompensa-no-prato/. Acesso em: 26 set. 2018.

NAMKOONG, G.; SNYDER, E. B.; STONECYIPHER, R. Heritability and gain concepts for evaluating breeding systems such as seedling orchards. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 15, p. 76-84, 1966.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNANDES, J. S. C.; RESENDE, M. D. V. Avaliação e seleção precoce para crescimento em Pinus taeda. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 12, p. 1719-1726, 2002.

PIGLIUCCI, M. **Phenotypic Plasticity:** Beyond Nature and Nurture. Baltimore: The Johns Hopkins University Press, 2001. 328 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: UFG, 1993. 272 p.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

RIBEIRO, R. A.; RODRIGUES, F. M. Genética da conservação em espécies vegetais do cerrado. **Revista de Ciências Médicas e Biológicas**, Salvador, v. 5, n. 3, p. 253-260, 2006.

RIBEIRO, S. Áreas do Norte e Nordeste consolidam-se como nova fronteira agrícola. 2015. Disponível em: http://agenciabrasil.ebc.com.br/economia/noticia/2015-10/areas-do-norte-er-do-nordeste-se-consolidam-como-nova-fronteira-agricola. Acesso em: 18 nov. 2018.

ROCHA, R. B. et al. Avaliação do método centroide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 15, n. 3, p. 255-266, 2005.

ROSADO, A. M. et al. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 7, p. 964-971, 2012.

SQUILASSI, M. G. Interação de genótipos com ambientes. Aracajú: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2003. 47 p. Disponível em: https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/897925/1/LivroGXE.pdf. Acesso em: 22 nov. 2018.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

YARA Brasil. **Classificações do trigo**. [s.d.]. Disponível em: https://www.yarabrasil.com.br/nutricao-de-plantas/trigo/classificacoes-do-trigo/. Acesso em: 2 out. 2018.

ZANCANARO, P. O. Melhoramento genético do milho. 2013. Disponível em: http://www.

esalq.usp.br/departamentos/lgn/lgn0313/iog/Palestra_Melhoramento%20de%20Milho.pdf. Acesso em: 11 out. 2018.

ZANI FILHO, J.; KAGEYAMA, P. Y. A produção de sementes melhoradas de espécies florestais, com ênfase em *Eucalyptus*. **IPEF**, Piracicaba, n. 27, p. 49-52, 1984.

Unidade 3

Tópicos de genética animal

Convite ao estudo

Prezado aluno, seja bem-vindo! Você acompanhou, nas unidades anteriores, o melhoramento genético de plantas. A partir desta unidade, daremos enfoque para o melhoramento genético de animais de produção, no qual você aprenderá sobre os conceitos básicos em melhoramento genético animal e avaliação genética.

Fatores como o crescimento populacional elevaram a demanda por produtos de origem animal, sendo necessário um considerável aumento na produção. Além disso, o mercado tem se tornado cada vez mais exigente quanto à qualidade destes produtos. Dessa forma, os desafios são: como produzir mais sem aumento em mesma escala de espaço e de insumos, e como elevar a qualidade dos produtos.

As descobertas e os avanços em genética animal têm auxiliado neste desafio por possibilitarem a identificação e a seleção de animais com características de interesse econômico, como um maior ganho de peso e uma melhor qualidade de carcaça. As práticas em melhoramento animal contribuem não apenas para a obtenção de produtos de melhor qualidade, como também propiciam um aumento considerável na lucratividade dos produtores, auxiliando no atendimento à crescente demanda populacional mundial por alimentos de origem animal.

Em adição, as tecnologias em genômica, como métodos de sequenciamento de ácidos nucleicos, montagem de genomas de referência, métodos de genotipagem, entre outros, possibilitam a integração entre informações genéticas, fenotípicas e ambientais, que você verá o quão importante são para o pleno desenvolvimento de uma característica e, portanto, para uma seleção mais eficiente dos melhores animais. Para se familiarizar e começar a praticar os conhecimentos que irá adquirir durante este estudo, iremos acompanhar a história do Sr. Henrique e os desafios que ele tem em sua fazenda. Pronto para o desafio?

O Sr. Henrique, proprietário da fazenda Rosal, localizada na região Noroeste de São Paulo, trabalha há anos com a produção de touros da raça Nelore de corte, e o seu objetivo sempre foi obter animais com fenótipos com tamanho médio e bem arqueados. Sua paixão por esta raça deve-se, em

partes, pela rusticidade apresentada, sendo resistente ao clima quente e às doenças parasitárias. Os bezerros, apesar de nascerem pequenos, apresentam elevado vigor, já se colocando de pé e mamando em poucos minutos, após o nascimento. Porém, com o passar dos anos, Sr. Henrique percebeu que a produtividade da progênie não apresentava os resultados esperados. Para auxiliá-lo na determinação das possíveis causas e solução deste problema, o produtor contratou a empresa ProdGen, especializada em consultoria em melhoramento animal, da qual você faz parte da equipe técnica. Além disso, o Sr. Henrique também está implementando a produção de leite em sua fazenda e, aproveitando a contratação da ProdGen, quer a indicação da melhor raca de bovino leiteiro para sua fazenda.

Quais fatores podem ser investigados como possíveis causas da diminuição na produção de bovinos de corte na fazenda Rosal? E quais fatores devem ser considerados para a escolha do gado de leite mais apropriado para a fazenda?

Pronto para ajudar as demandas do seu cliente, o Sr. Henrique da fazenda Rosal? Pois é isso que você fará ao longo desta Unidade 3, onde aprenderá sobre os diferentes modos de ação dos genes, herdados dos pais, para a expressão do fenótipo (características) dos animais, e que estas características também são moduladas pelo ambiente ao qual o animal está inserido. E nunca se esqueça que a busca por aprimoramento em diferentes fontes enriquecerá seu aprendizado e sua capacitação profissional. Bons estudos e mãos à obra!

Princípios básicos de melhoramento animal aplicado em espécies zootécnicas

Diálogo aberto

Caro aluno, seja bem-vindo à Unidade 3, na qual abordaremos os principais conceitos sobre o melhoramento genético animal. Mas, você tem uma ideia do porquê deste tema ser tão importante nos dias de hoje?

A todo tempo somos cercados por propagandas e advertências sobre os cuidados com a ingestão de gordura, qual a carne mais macia para o seu churrasco ser um sucesso, qual o leite mais saudável para a sua família, etc. A preocupação com a qualidade da alimentação, bem como com a produção que atenda o aumento da demanda atual, expressa bem esta importância, e ela está totalmente associada com a genética animal.

Nesta primeira seção, veremos como os modos de ação dos genes herdados dos pais influenciam na formação das características do indivíduo, como ganho de peso, presença ou ausência de chifres, e até mesmo o número de filhotes por prenhez, além de entendermos que o ambiente (manejo, nutrição, clima, etc.) também contribui sobre a expressão dos genes, o que permite afirmar que o fenótipo é fruto do genótipo herdado e do ambiente onde os animais são criados. Preparados para esta nova jornada?

Para iniciarmos o entendimento desses conceitos, vamos recordar que o Sr. Henrique, proprietário da fazenda Rosal, estruturou parte de sua propriedade para iniciar a produção de leite bovino, com o intuito de elevar os lucros e ter uma atividade diversa à produção de gado de corte, principal atividade da fazenda. Para obter auxílio técnico para a escolha da raça leiteira a ser introduzida, o proprietário contratou a empresa de consultoria em melhoramento animal, ProdGen, da qual você faz parte da equipe técnica. Após conhecer as instalações da fazenda e verificar que as pastagens são adubadas e que há produção e local apropriado para armazenamento de silagem, você constatou que não há um local com cobertura ou sombra para que os animais possam se abrigar em horários de maior calor. Poderia este aspecto do meio influenciar na produtividade dos animais? Quais aconselhamentos você faria para o produtor, e baseado em quais informações técnicas?

Respondendo a estas questões, você estará colocando em prática o conhecimento adquirido durante os estudos desta seção, no qual o convidamos a aprender sobre o modo em que os genes agem e a importância da influência

do ambiente para a formação de um fenótipo, a herdabilidade, a consanguinidade e repetibilidade, para a determinação do melhor genótipo. Vamos começar? Bons estudos!

Não pode faltar

A domesticação de plantas e de animais pelo homem data desde o Holoceno, ou seja, há cerca de 10.000 anos. Esta prática propiciou o estabelecimento de populações humanas em locais fixos (sedentarismo), por não ser mais necessária a caça de alimentos. Assim, se consolidou a agricultura, que pode ser definida como o cultivo de vegetais, e a criação de animais de importância para o homem. Relatos mostram que os cães foram os primeiros animais a serem domesticados, a fim de auxiliar na caça, seguido da domesticação de cabras e ovelhas. A domesticação de bovinos e suínos data de aproximadamente 9.000 e 7.000 anos atrás (GUPTA, 2004).



Reflita

Os animais domesticados fornecem alimento e demais produtos, como lã e couro. Eles fornecem também a força para o trabalho e desenvolvimento humano. Mas, teriam sido os primeiros animais escolhidos aleatoriamente para a domesticação? Podemos dizer que a seleção de animais iniciou muito antes na história da humanidade, durante o início da domesticação dos animais?

Foi também por meio da agricultura que se desenvolveu a tecnologia, que tanto revolucionou e facilitou o dia a dia dos seres humanos, iniciando com o desenvolvimento da roda e de arado nas primeiras regiões que domesticaram animais de tração, até o uso de sistemas computacionais e biotécnicas atuais. No início do século XX, com a redescoberta dos estudos realizados pelo monge austríaco Gregor Mendel (1822-1884), que demonstraram a transferência de características entre gerações de ervilhas, pesquisadores do mundo todo iniciaram estudos sobre hereditariedade e variabilidade genética de plantas e de animais.

No Brasil, os estudos em genética iniciaram em 1910, por meio do agrônomo Carlos Teixeira Mendes (1888-1950), professor da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ – USP), e intensamente divulgada pelo então coordenador do curso de zootecnia da ESALQ, Otávio Domingues (1897-1972), pioneiro em melhoramento genético de

animais no país. Posteriormente, pesquisas em genética passaram a ser também desenvolvidas no Instituto Agronômico de Campinas (IAC) e na Universidade de São Paulo (USP) por pesquisadores brasileiros e em parceria com cientistas americanos, consolidando e institucionalizando a genética no Brasil (ANDRADE, 2016).

No entanto, o melhoramento animal se baseava em suas principais ferramentas, a seleção e o cruzamento, mas, a partir da década de 1940, há um aprimoramento pela união dos conhecimentos em genética e em estatística, resultando nos princípios do índice de seleção, desenvolvido por Lush e Hazel (BRITO et al., 2006). Por consequência, modelos estatísticos mistos, que combinam os índices de seleção e a estimativa de quadrados mínimos para estimarem os valores genéticos de animais em diferentes ambientes, foram desenvolvidos por Charles Henderson e colaboradores, em 1950 (BRITO et al., 2006).

Neste mesmo período, ocorreu a descoberta da constituição e da conformação da molécula de DNA, conduzindo ao desenvolvimento de técnicas de sequenciamento e de ferramentas computacionais capazes de processar grandes conjuntos de dados (bioinformática), originando a área conhecida, hoje, como genômica, que tem revolucionado os trabalhos em melhoramento genético animal, como também de plantas.

Com o redescobrimento dos estudos de Gregor Mendel e com o desenvolvimento dos modelos estatísticos que possibilitaram o início de estudos de genética de populações, durante a primeira metade do século XX, foram iniciados estudos sobre os aspectos físico dos genes, conduzindo à descoberta do DNA como componente no qual estão contidos os genes, e que constituem os cromossomos, culminando com o desvendamento da composição e conformação da molécula por Francis Crick e James Watson, em 1953 (PEREIRA, 2008; BRITO et al., 2006; WATSON e CRICK, 1953).

Desde então, os esforços científicos concentraram-se em questões sobre a natureza físico-química e a função dos genes, resultando em importantes avanços, não apenas do ponto de vista biológico, como também tecnológico, sendo possível, atualmente, o sequenciamento e a análise de genomas completos e genótipos (conjunto de genes de um indivíduo).

O principal interesse na análise de genótipo, em especial na área de melhoramento genético, é a avaliação de ação dos genes sobre o fenótipo do indivíduo, considerando que o modo de ação pode ser diverso num mesmo genótipo. Os diferentes modos de ação gênica são, portanto, estabelecidos de

acordo com o tipo de interação entre os alelos (variantes específicas de um mesmo gene), estejam eles num mesmo *locus* (posição no cromossomo) ou em diferentes *loci*.

No que diz respeito às características econômicas dos animais de produção, dois modos de ação gênica apresentam acentuada importância: a ação aditiva e a não aditiva. Vamos a elas? A <u>ação genética aditiva</u> é caracterizada pelo acréscimo no valor fenotípico do indivíduo por cada um dos genes que compõem o genótipo de uma determinada característica. Portanto, na ação aditiva não existe dominância entre os alelos, sendo o fenótipo determinado pelo efeito de cada um dos genes envolvidos.

Tomemos como exemplo, os genes A e a. Três genótipos são possíveis para estes dois genes: AA; Aa e aa. Se supormos que não existe diferença entre os alelos, podemos considerar o genótipo AA como sendo Aa mais o efeito aditivo de A. Da mesma forma, podemos considerar o genótipo aa como Aa menos o efeito de A. Diagramaticamente representamos isto da seguinte forma:

$$AA \leftarrow +A \rightarrow Aa \leftarrow -A \rightarrow aa$$

Isto é possível pelo fato do genótipo heterozigoto Aa representar o valor médio (m) entre os genótipos homozigotos aa e AA. Ou seja, o valor médio mede os desvios em relação aos homozigotos, cujo desvio representa o efeito aditivo (d) do gene:

$$AA \leftarrow +d_{a \rightarrow} m_{\leftarrow} -d_{a} \rightarrow aa$$
 , ou seja:
$$AA = m + d_{a}$$

$$Aa = m - d_{a}$$

Entretanto, há características fenotípicas determinadas por mais de um gene (poligênicas), cujo modo de ação, pelo menos para a maioria dos pares de genes envolvidos, é igual ao observado em características monogênicas. Vamos supor um rebanho cujo valor fenotípico para a produção de leite seja 2.000 kg nos indivíduos homozigotos (aabb) e que cada gene (A ou B) adicione 100 kg de leite ao fenótipo, e também que efeitos do ambiente não tenham ação sobre a expressão da característica. A Tabela 3.1 traz este exemplo, mostrando a ação aditiva para esta característica poligênica. Conhecendo-se os valores fenotípicos e a contribuição de cada gene, é possível estimar o valor médio entre os genótipos, bem como o valor de cada genótipo individualmente.

Tabela 3.1 | Valores fenotípico para a característica "produção de leite"

Geração	AABB	x	aabb
$P_{_1}$	2400		2000
F ₁		$rac{ ext{AaBb}}{ ilde{X}}$ 2200	
\overline{F}_2	AaBb	x	AaBb
	1 AABB		2400
	2 AABb		2300
	1 Aabb		2200
	2 AaBB		2300
	4 AaBb		2200
	2 Aabb		2100
	1 aaBB		2200
	2 aaBb		2100
	1 aabb		2000
			$\overline{X} = 2200$

 \overline{X} = Média fenotípica de F₁.

Fonte: Pereira (2008, p. 58).

Observando esta tabela podemos visualizar algumas das consequências da ação aditiva dos genes, como o valor médio fenotípico de F1 será sempre igual à média dos pais (P1) e de F2; a distribuição de F2 ocorrerá sempre de forma simétrica (curva normal); a descendência de qualquer indivíduo apresentará valor médio fenotípico igual ou superior, indicando que a seleção dos melhores fenótipos é eficiente para o melhoramento genético.

Além da ação aditiva, os genes podem apresentar outros modos de ação, como os mecanismos de ação não aditivos, que incluem a dominância, a sobredominância e a epistasia, como vimos na primeira unidade, todavia, agora reforçaremos alguns conceitos para embasar nossos estudos em genética animal. Vamos ver as particularidades de cada um deles? A dominância gênica ocorre por meio da interação entre genes componentes de uma série alélica, dificultando a definição do genótipo superior, devido ao fato de que os indivíduos homozigotos e heterozigotos apresentam o mesmo fenótipo. A dominância pode ser completa, quando fenótipos idênticos são resultantes de genótipos homozigotos dominantes e heterozigotos. Por exemplo, consideremos que o gene M seja responsável pelo fenótipo mocho (ausência de cornos) em bovinos da raça Hereford, sendo este alelo dominante ao alelo **m**, responsável pelo fenótipo aspado (presença de cornos). Dessa forma, os genótipos MM (homozigoto dominante) e Mm (heterozigoto) resultarão em fenótipo mocho, enquanto que o genótipo mm resultará em fenótipo aspado.



Pesquise mais

O modo de ação mais utilizado pelos programas de melhoramento é a ação aditiva, que pode causar perda da acurácia da seleção se não considerarmos outras formas de ação que também possam estar ativas. No artigo científico a seguir, os autores discutem os efeitos desta prática.

CUNHA, E. E. et al. Impactos de se ignorarem os efeitos genéticos não-aditivos de dominância na avaliação genética animal. **Rev. Bras. de Zootec.**; v. 38, n. 12, p. 2354-2361, 2009.

Lembre-se de que há também casos em que os indivíduos heterozigotos possuem fenótipo semelhante ao dos indivíduos homozigotos dominantes, caracterizando uma ação gênica dominante incompleta (ou parcial).

Há ainda casos em que os indivíduos com genótipo heterozigoto são superiores a qualquer dos dois genótipos homozigotos, caracterizando a sobredominância. O tipo sanguíneo em coelhos é um exemplo de superdominância, em que os genótipos **AA** e **aa** resultam nos fenótipos antígeno 1 e antígeno 2, respectivamente, enquanto que o genótipo **Aa** resulta nos fenótipos antígeno 1, antígeno 2 e antígeno 3.

Mas será que apenas alelos situados em mesmo *locus* e cromossomo podem agir sobre uma dada característica? Não. Lembra-se do albinismo em coelhos, no qual o alelo c inibe a expressão de pigmentação, inclusive da pelagem, que é determinada pelos alelos **B** e **b**? Isto nos mostra que alguns alelos localizados em *loci* distintos, e até mesmo em cromossomos diferentes podem interagir na expressão de uma característica. A esta ação dá-se o nome de epistasia, em que o gene que inibe a expressão do outro gene é denominado de epistático, enquanto que o gene cuja expressão é inibida é denominado de hipostático.



Exemplificando

Algumas características são resultantes da interação entre diferentes genes, sendo denominadas de características poligênicas. Em humanos, o fenótipo altura está relacionado a mais de 400 genes, o que dificulta a identificação do efeito de cada um dos genes sobre a característica.

A natureza poligênica está presente nas características econômicas de animais de produção e, pela dificuldade em identificar todo o conjunto de genes envolvidos numa determinada característica, os animais são inicialmente avaliados pelos seus fenótipos. Entretanto, para que uma

característica seja expressa plenamente é necessário não apenas o melhor genótipo, mas também o ambiente mais adequado, evidenciando a necessidade de associar a herança e o ambiente (meio), em análises de melhoramento genético. Pois, como já vimos anteriormente, o fenótipo é determinado não apenas pela composição genética do animal, mas também pelo ambiente ao qual este animal está exposto, sendo, contudo, a ação do meio limitada pelo genótipo.

Dessa forma, modificações no ambiente e a diversidade genética entre os indivíduos contribuem para a variabilidade fenotípica e, quanto maior a influência do meio sobre uma dada característica, mais difícil será estimar o genótipo do animal. Para sanar esta questão, diferentes métodos estatísticos são capazes de estimar o quanto do fenótipo é explicado pelo genótipo e o quanto é explicado pelo meio. Estes métodos utilizam parâmetros como:

Divisão das variâncias, em que a variância do fenótipo (σ_P²) é calculada pela soma da variância das diferenças de herança entre os indivíduos (σ_H²), da variância das diferenças do meio entre os indivíduos (σ_M²) e da variância da interação entre herança e ambiente (σ_{HM}²):

$$\sigma_P^2 = \sigma_H^2 + \sigma_M^2 + \sigma_{HM}^2$$

Ainda, a variância hereditária pode ser calculada como segue:

$$\sigma_H^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2$$
, onde:

 σ_H^2 = variância hereditária

 σ_A^2 = variância dos efeitos aditivos dos genes

 σ_D^2 = variância dos efeitos da dominância

 σ_I^2 = variância dos efeitos epistáticos

• Herdabilidade: o componente da variância dos efeitos aditivos dos genes, quando relacionado à variância fenotípica ou total (σ_p^2) , recebe a denominação de herdabilidade no sentido restrito (h_R^2) . A herdabilidade no sentido restrito significa a fração das diferenças fenotípicas transmitida para os filhos. Logo:

$$h_{R}^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_p^2} = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_\mu^2 + \sigma_M^2}$$
, desde que não haja interação entre herança x meio.

Se adicionadas, no numerador, as variâncias aditiva, dominância e epistasia em relação à fenotípica, obtém-se a herdabilidade no sentido amplo (h_A^2), sendo:

$$h_{A}^{2} = \frac{\sigma_{A}^{2} + \sigma_{D}^{2} + \sigma_{I}^{2}}{\sigma_{P}^{2}} = \frac{\sigma_{A}^{2} + \sigma_{D}^{2} + \sigma_{I}^{2}}{\sigma_{A}^{2} + \sigma_{D}^{2} + \sigma_{I}^{2} + \sigma_{M}^{2}}$$

Simplificando, a herdabilidade ampla é dada pela razão entre a variação genética (Vg) e a variação fenotípica (Vf):

$$h^2 = \frac{V_g}{V_f}$$

A determinação da herdabilidade é importante para a definição dos métodos de melhoramento genético. Variando de 0-100% ou de 0,1-1,0, a herdabilidade é considerada baixa até 0,1, média com valores entre 0,1 a 0,3 e alta quando o valor for acima de 0,3. Quanto mais baixo o valor da herdabilidade, maior é a influência do ambiente no desenvolvimento da característica. Sendo assim, uma dada característica apresentará herdabilidade baixa em população exposta a ambiente com condições variáveis, enquanto que a mesma característica, numa população exposta a um ambiente estável, apresentará elevado valor de herdabilidade.

Para exemplificar a análise de herdabilidade, utilizaremos a taxa de colesterol numa dada população, cuja média para este fenótipo é de 174,6 mg/dl de colesterol total no soro, e a variância fenotípica é de 732,5. Conhecendo a frequência dos genótipos existentes na população e suas respectivas médias fenotípicas (\overline{P}) (Tabela 3.2) é possível obter a variância genética, conforme segue.

Tabela 3.2 | Valores para a frequência de Hardy-Weinberg, média fenotípica e desvio genético para os diferentes genótipos presentes numa população avaliada para a taxa de colesterol total no soro sanguíneo

Genótipo	3/3	3/2	3/4	2/2	2/4	4/4
Frequência Hardy-Weinberg	0,592	0,121	0,234	0,006	0,024	0,023
\overline{P}	173,8	161,4	183,5	136,0	178,1	180,3
g	-0,8	-13,2	8,9	-38,6	3,5	5,7

Fonte: http://www.ufscar.br/~evolucao/grad/quantgen2.pdf. Acesso em: 14 nov. 2018.

A obtenção do valor médio para os fenótipos foi feita através da soma dos produtos entre os valores da frequência de Hardy-Weinberg e os valores das médias fenotípicas de cada genótipo:

$$\overline{P}_{população} = (0,592.173,8) + (0,121.161,4) + ...(0,023.180,3) = 174,6 \text{ mg/dl}$$

Ao subtrairmos o valor da média fenotípica da população da média fenotípica de cada genótipo, obteremos os valores para os desvios genotípicos (gi) para cada um dos genótipos presentes na população.

Exemplifiquemos com o cálculo do desvio genotípico para o genótipo 3/3:

$$g_{3/3} = 173,8 - 174,6 = -0,8$$

Obtidos os valores dos desvios genéticos, é possível realizar o cálculo da variância genética, que é dada pela soma dos quadrados dos produtos entre os valores da frequência de Hardy-Weinberg e dos desvios genotípicos:

$$\sigma_{\sigma}^2 = (0.592).(0.8)^2 + (0.121).(-13.2)^2 + ...(0.024).(3.5)^2 + (0.023).(5.7)^2 = 50.1$$

Agora que temos os valores para a variância fenotípica e genotípica, podemos calcular a herdabilidade para a característica:

$$h_A^2 = \frac{50,1}{732,5} = 0.07$$
, ou 7%

O resultado significa que 7% da variação nos níveis de colesterol da população amostrada é explicada pelo fator genético, ou seja, esta característica apresenta baixa herdabilidade.

Em adição, uma população homozigota para uma característica ou consanguínea apresentará variância aditiva menor quando comparada a uma população heterozigota ou sem parentesco, mantida em ambientes com as mesmas condições.



Assimile

Há alguns modos para calcular a herdabilidade de uma característica, semelhança entre meios-irmãos, por exemplo. Progênies de diferentes reprodutores com diferentes reprodutizes (fêmeas matrizes destinadas à reprodução) constituem famílias de meios-irmãos, cujo total de genes em comum é $\frac{1}{4}$ (25%). Sendo assim, multiplicando a análise de variância entre o efeito do reprodutor e do ambiente por 4 obtém-se a herdabilidade estimada, como segue:

$$h^2 = \frac{4\sigma_S^2}{\sigma_S^2 + \sigma_e^2}$$
, onde:

 $\sigma_{\rm S}^2=$ variância do efeito do reprodutor; e $\sigma_{\rm e}^2=$ variância do ambiente (erro aleatório)

Considerando que criadores, em geral, mantêm os animais que apresentaram melhores resultados na primeira produção, devido ao fato de que manterão os resultados superiores, a análise de repetibilidade pode ser uma importante ferramenta para a identificação dos melhores genótipos. Mas, você sabe o que significa repetibilidade? Repetibilidade é a análise da expressão de uma característica num mesmo indivíduo, em diferentes etapas de sua vida. A repetição da expressão depende em partes do genótipo, devido ao fato de que alguns genes tenham suas atividades alteradas por questões como idade e meio ambiente. Portanto, a repetibilidade mede a correlação média entre duas produções de um mesmo animal. Esta análise é importante devido ao fato de que animais que demonstram superioridade a um fenótipo de interesse são mantidos pelos criadores nos rebanhos. Dessa forma, é necessário mensurar até que ponto a superioridade se mantém ao longo do tempo.

A repetibilidade pode ser analisada por meio da variância dentro dos indivíduos, que mede efeitos temporários no desempenho do animal (por exemplo, alimentação, variações climáticas, manejo), e por meio desta variância, influenciada em parte pela genética e pelo ambiente, cujo efeito é permanente, ou seja, que afetam os animais por toda a sua vida (por exemplo, a perda de tetas devido a mastites).

A repetibilidade pode ser estimada através da relação entre as variâncias entre os indivíduos e a total, como segue:

$$t = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_{EP}^2}{\sigma_G^2 + \sigma_{FP}^2 + \sigma_{FT}^2} = \frac{\sigma_B^2}{\sigma_R^2 + \sigma_W^2}$$
, onde:

t = estimativa da repetibilidade

 σ_G^2 = variância genética aditiva.

 σ_{EP}^2 = variância dos efeitos permanentes do meio.

 σ_{ET}^2 = variância dos efeitos temporários do ambiente.

 σ_B^2 = variância entre indivíduos.

 σ_w^2 = variância dentro dos indivíduos.

Agora que sabemos que a expressão de uma característica depende da composição do genótipo herdado dos pais e da interação dos genes com o ambiente no qual o animal está inserido, podemos compreender os efeitos da interação genótipo-ambiente. Um exemplo clássico desta interação é a de raças bovinas leiteiras. Vacas da raça Holandesa são mais sensíveis ao calor, demonstrando boa produção de leite na região Sul do Brasil, onde o clima é mais ameno. Porém, se transferidas para regiões mais quentes, como o Centro-Oeste, a produção decairá consideravelmente. Uma alternativa para estas regiões de clima mais quente é a utilização de raças que apresentem boa produção de leite e também tolerância térmica. Estas características são encontradas em animais da raça Girolando, resultante do cruzamento entre as raças Gir, que possuem tolerância ao estresse térmico, e Holandesa, que apresentam boa produção de leite.

A correlação genética para a análise da interação genótipo-ambiente permite a comparação entre dois ambientes distintos. Para valor de correlação igual a 1,0, temos que os mesmos genes atuam na característica em questão em ambos os ambientes, enquanto que valores diferentes de 1,0 indicam que diferentes genes atuam na característica em cada um dos ambientes.

Dunlop (1962) propôs quatro tipos de interação genótipo-ambiente, classificada de acordo com as diferenças entre os genótipos e os ambientes (Tabela 3.3).

Tabela 3.3 | Tipos possíveis de interação genótipo-ambiente

Tipo de interação	Diferenças genéticas	Diferenças ambientes	
I	Pequenas	Pequenas	
II	Grandes	Pequenas	
III	Pequenas	Grandes	
IV	Grandes	Grandes	

Fonte: Pereira (2008, p. 119).

O tipo I de interação genótipo-ambiente apresentado na Tabela 3.3 ocorre quando há a transferência de uma população para um ambiente desfavorável, comprometendo a expressão de determinada característica; a interação do tipo II ocorre quando diferentes raças são criadas em locais com inexpressiva variação ambiental, sendo a interação genótipo-ambiente desprezível. O tipo III ocorre quando animais reprodutores são selecionados em ambientes adequados para a expressão dos genes que atuam sobre uma característica, e enviados para locais com condições deficientes e limitantes para a expressão gênica. Por fim, em IV temos os casos em que há as melhores condições para a quantificação da interação genótipo-ambiente.

As análises de interação do genótipo com o ambiente ganharam força a partir do aumento da difusão de inseminação artificial e importação do material genético (sêmen, embriões, etc.), selecionados como ótimos em ambientes diferentes dos quais, na maioria das vezes, este material é enviado. Assim, é importante a identificação não apenas do melhor genótipo, mas do melhor genótipo para o tipo de ambiente onde os animais serão criados.

Sem medo de errar

Vamos voltar ao caso apresentado sobre a fazenda Rosal, do Sr. Henrique? Você trabalha na equipe técnica da empresa Prodgen, que foi contratada pelo Sr. Henrique para auxiliá-lo na raça leiteira a ser introduzida na fazenda. Ao analisar a propriedade do Sr. Henrique, para a criação de gado leiteiro

em sua fazenda localizada na região Noroeste do Estado de São Paulo, você percebeu que, apesar dos animais terem pastagens saudáveis e suplementação alimentar adequada, o rebanho não terá locais sombreados para se protegerem nos horários mais quentes do dia. Poderia este aspecto do meio influenciar na produtividade dos animais? Quais aconselhamentos você faria ao Sr. Henrique, e baseado em quais informações técnicas?

Considerando seu conhecimento técnico no assunto, é possível que você oriente seu cliente quanto à influência do meio ambiente sobre o desenvolvimento do fenótipo "produção de leite", mesmo diante do fato de que este efeito é limitado pelo genótipo. Para a propriedade do Sr. Henrique pode ser indicada a raça Girolando, que apresenta sucesso na produção de leite e termotolerância. Porém, ainda, deve-se considerar o ambiente em que estes animais foram selecionados para que não se tenha uma situação de interação genótipo-ambiente do tipo III (DUNLOP, 1962), onde animais selecionados em ambientes adequados para a expressão dos genes que atuam sobre uma característica são enviados para locais com condições deficientes e limitantes para a expressão gênica, não sendo observada a produtividade esperada.

Portanto, para que o Sr. Henrique tenha prosperidade no negócio, é necessário obter uma raça com padrão elevado para a produção de leite e também ajustar o ambiente para minimizar ou eliminar a ação de fatores que possam limitar a expressão gênica, como o calor e a falta de locais de refúgio para os horários mais quentes do dia.

Avançando na prática

A avaliação do gado leiteiro

Descrição da situação-problema

Rita é uma estudante de Medicina Veterinária e seus pais possuem um pequeno negócio como criadores de suínos da raça Landrace. Interessada em auxiliar a família a aprimorar seu negócio, Rita iniciou uma análise de ganho de peso. A coleta dos dados foi feita aos 30, 60 e 90 dias e registrados em kg, escolhendo-se, aleatoriamente, 3 indivíduos em cada uma das 8 leitegadas. Com os dados coletados, Rita realizou a análise da variância dentro e entre as leitegadas, através do teste ANOVA. Os resultados da análise foram apresentados na Tabela 3.4:

Tabela 3.4 | Análise de variância (ANOVA) entre leitegadas e dentro de leitegadas de suínos da raça Landrace

Fator de variação	G.L.	SQ	QM
Entre leitegadas	7	235,96	31,85
Dentro de leitegadas	16	176,24	11,00
Legenda: G.L. – graus	de liberdade; SQ – soma	dos quadrados; QM – o	juadrado médio

(variância).

Fonte: Pereira (2008, p. 119).

Porém, Rita não sabe como utilizar estes resultados para determinar o desempenho dos animais.

Vamos auxiliar a estudante a resolver este problema? Qual análise você indicaria para a estimativa do desempenho dos animais amostrados?

Resolução da situação-problema

Para auxiliar Rita, a estudante de Medicina Veterinária, a estimar o desempenho dos animais quanto ao ganho de peso, você pode propor a análise de repetibilidade, que utiliza dados de variância. Esta análise é importante também para a acurácia em mensurações múltiplas e é calculada por meio da seguinte fórmula:

$$t = \frac{\sigma_B^2}{\sigma_B^2 + \sigma_W^2}$$
, onde:

t = estimativa da repetibilidade;

 $\sigma_{\scriptscriptstyle B}^2$ = variância entre indivíduos;

 σ_w^2 = variância dentro dos indivíduos.

Dessa forma, tem-se:

$$t = \frac{31,85}{31,85 + 11,00} = 0,74$$

Esta análise indica que o ganho de peso observado nas leitegadas possui alta chance de se repetir nas próximas progênies. Além disso, a repetibilidade também pode indicar o valor máximo da herdabilidade, uma vez que representa a proporção da variância fenotípica atribuída à variabilidade genética.

Faça valer a pena

- 1. A ação aditiva caracteriza-se pelo desenvolvimento de um fenótipo por meio da somatória das contribuições de cada um dos alelos envolvidos, sendo cada alelo independente dos demais. Considerando as características da ação gênica aditiva, leia atentamente as assertivas que seguem:
- I Na ação aditiva não há dominância entre os alelos envolvidos.
- II O valor do fenótipo em F1 é sempre intermediário ao valor fenotípico dos pais, quando estes são diferentes.
- III A descendência de qualquer indivíduo tem média superior ao seu valor fenotípico.
- IV Todas as características poligênicas obedecem ao esquema aditivo.
- V O acasalamento de indivíduos superiores produz descendentes também fenotipicamente superiores.

Quais assertivas estão corretas?

- a) Apenas as assertivas I; II; IV e V estão corretas.
- b) Apenas as assertivas I; II; III e V estão corretas.
- c) Apenas as assertivas II; III; IV e V estão corretas.
- d) Apenas as assertivas I; II; III e IV estão corretas.
- e) Apenas as assertivas I; II e III estão corretas.
- **2.** A interação gênica acontece quando dois ou mais genes interagem e controlam apenas uma característica. Esses genes não necessariamente precisam estar no mesmo cromossomo, podendo estar em cromossomos distintos. Como não é apenas um gene que determina uma característica nos casos de interação, a análise dessas características geralmente não obedece às proporções mendelianas (SANTOS, 2018). Analise os genótipos a seguir, e suas respectivas contribuições para o fenótipo (valores de produção):

Tabela 3.5 | Relação entre o nível de produção (expressão de uma dada característica) e o tipo de genótipo relacionado ao referido fenótipo

Genótipo Nível de produção	
AA	100
Aa	100
aa	50

Fonte: elaborada pela autora.

Assinale a alternativa que indica corretamente o tipo de ação gênica ilustrada no exemplo apresentado:

- a) Ação aditiva.
- b) Dominância parcial.
- c) Epistasia.
- d) Dominância completa.
- e) Superdominância.

3. Considere os componentes de variância entre touros e dentro de touros para as características de produção de leite e período de lactação de vacas da raça Guzerá.

Tabela 3.6 | Variância das características "produção de leite" e "período de lactação" em bovinos da raça Guzerá

Característica	$\sigma_{_{ m S}}^{_{ m 2}}$	$\sigma_{\scriptscriptstyle E}^2$
Produção de leite	5905,46	65027,91
Período de lactação	157,03	2924,75

Fonte: Pereira (2008, p. 83).

Considere que σ_s^2 se refere à variância atribuída ao efeito do reprodutor e σ_E^2 à variância do ambiente, e que σ_s^2 estima apenas $\frac{1}{4}$ (25%) de variância aditiva.

Assinale a alternativa que contenha os valores de herdabilidade corretos para a produção de leite e para o período de lactação, respectivamente.

- a) 0,45 e 0,23.
- b) 0,32 e 0,20.
- c) 0,20 e 0,32.
- d) 0,25 e 0,17.
- e) 0,17 e 0,25.

Avaliação genética e controle zootécnico

Diálogo aberto

Caro aluno, é fato que, naturalmente, animais e plantas são selecionados ao longo do tempo sobrevivendo aqueles mais aptos ao meio, ou seja, aqueles que conseguiram alcançar a idade reprodutiva e gerar descendentes para a manutenção da população. Com isso, alelos são fixados ou removidos, ou ainda podem apenas aumentar ou diminuir sua frequência na população. Esta é a seleção natural. O homem, por meio da observação da natureza e da mudança de hábitos, como o sedentarismo, propiciou a criação de animais para a alimentação humana. Esta prática humana iniciou a seleção artificial, onde os animais que gerarão os descendentes para compor a população são escolhidos de acordo com as características de interesse para o homem.

Nesta seção, vamos aprender sobre a importância da seleção artificial, a qual conduz à escolha dos melhores reprodutores, e que sua avaliação se dá por meio dos resultados da produção de sua progênie. Veremos também a influência de acasalamentos consanguíneos e do parentesco em animais de produção.

Para nos ajudar a entender esses conceitos, você se lembra que o Sr. Henrique, proprietário da Fazenda Rosal, está iniciando a produção de leite em sua propriedade? Com o objetivo de elevar a produtividade ao longo do tempo, ele pretende realizar a seleção de animais para que os cruzamentos resultem em progênies melhores. Para isso, o proprietário propôs utilizar o teste de progênie, no qual o sêmen dos touros avaliados é distribuído no rebanho e o valor de cada candidato a reprodutor é estimado baseado no rendimento da progênie. Considerando o objetivo de elevar a produção de leite através da seleção, você, consultor da empresa ProdGen, concordaria com a proposta do Sr. Henrique? Quais aconselhamentos você faria para que o objetivo seja alcançado com maior sucesso?

Estudando o conteúdo desta seção, você estará ainda mais próximo do objetivo principal: se tornar um profissional de sucesso e com amplo conhecimento para ser um melhorista de destaque. Preparado para se aprofundar ainda mais no universo do melhoramento animal?

Então, bons estudos!

Olá, aluno! Você sabia que o aumento da frequência de alelos e genótipos favoráveis às características de importância econômica é o principal objetivo do melhoramento genético de animais de produção? Para isso, os melhoristas precisam decidir quais animais serão os pais que contribuirão com os alelos para a progênie.

Apesar de o mérito genético (conjunto de genes) dos animais não ser visível, o que dificulta a identificação dos melhores indivíduos, é possível estimá-lo, sendo que este processo é conhecido como avaliação genética. O mérito genético pode ser expresso de diferentes formas e é muito importante a identificação delas. Vamos conhecer algumas dessas formas de expressão do mérito genético?

O <u>valor genotípico</u> é uma destas formas, sendo definido pelo mérito genético médio de uma população em que um dado gene está presente.



Exemplificando

Tomemos como exemplo, para a estimativa do valor genotípico, bovinos mochos (HH ou Hh) e com chifres (hh). É notório que os animais mochos são desejáveis na população, entretanto, são ambos os genótipos HH e Hh desejáveis para os animais que serão pais da próxima geração? Supomos um produtor que contenha em seu rebanho apenas fêmeas hh, ou seja, a frequência do alelo para a característica "chifre" é de 100% (ou 1,0), enquanto que para o caráter mocho, a frequência é zero. Se o produtor utilizar touros HH para o cruzamento com suas fêmeas, todos os filhos terão genótipo Hh, cujo fenótipo será mocho. Neste caso, a capacidade de transmissão dos touros é de 100%. Porém, se o produtor utilizar touros Hh, 50% da progênie irá apresentar chifres (hh) e 50% será mocho (Hh). Portanto, a capacidade de touros heterozigotos para a transmissão do alelo H é de 50%.

O mérito genético também pode ser estimado pela capacidade de transmissão, que significa a capacidade que o pai tem de transmitir determinados alelos para os filhos resultantes de acasalamento ao acaso. Sendo assim, a frequência gênica, neste caso, deve ser considerada.

Que tal observarmos um exemplo para auxiliar na compreensão da capacidade de transmissão genética? Consideremos que o gene R confere aos animais maior resistência a ectoparasitas, como os carrapatos, e que se trata de uma característica dominante. Dessa forma, teremos os três tipos

de genótipos possíveis: **RR** (animal resistente); **Rr** (animal resistente); rr (animal não resistente). Supondo que o produtor tenha uma economia de R\$ 50,00, em média, para cada animal resistente no rebanho, devido ao menor gasto com tratamentos antiparasitários, vamos estipular o valor genotípico para esta característica de 50.

Realizando cruzamentos de machos **RR**, **Rr** e **rr** com uma população de fêmeas cuja frequência do alelo **R** seja igual a 1, zero e 0,5, podemos obter os seguintes resultados:

Tabela 3.6 | Capacidade de transmissão e valores genotípicos de animais homozigotos dominantes, homozigotos recessivos e heterozigotos acasalados com dois distintos rebanhos

		Capacidade de transmissão			
Genótipo (machos)	Valor genotípico	q = 1,0	q = 0.0		
RR	50	50	50		
Rr	50	25	50		
rr	0	0	50		

Fonte: elaborada pela autora.

Os resultados da Tabela 3.6 nos mostram que um reprodutor **RR** que acasala com fêmeas homozigotas dominantes ou heterozigotas (q=1,0) terão 100% de capacidade de transmitir a característica à sua prole (capacidade de transmissão = 50), enquanto que reprodutores rr não terão sucesso nesta população (capacidade de transmissão = 0).

No cenário no qual os machos são acasalados com uma população em que a frequência do alelo ${\bf R}$ é nula ($q\!=\!0.0$), todos os três genótipos ${\bf RR}$, ${\bf Rr}$ e ${\bf rr}$ serão repassados com 100% da capacidade de transmissão, ou seja, machos ${\bf RR}$ e ${\bf Rr}$ gerarão prole com resistência aos carrapatos e machos rr gerarão apenas prole susceptível ao ectoparasita.

Sendo assim, a capacidade de transmissão de um genótipo (mérito genético como pai) pode diferir do valor genotípico (mérito genético como indivíduo); e a capacidade de transmissão de um genótipo depende da frequência alélica na população com a qual o indivíduo irá acasalar.

Outro modo de estimar o mérito genético, associado à capacidade de transmissão, é pelo <u>Valor Genético Aditivo (VGA)</u>. O VGA é também conhecido como valor gênico ou valor reprodutivo (em inglês, *breeding value*), definido como o **dobro** da capacidade de transmissão em casos de acasalamento ao acaso numa população, ou seja, apenas a metade dos genes da progênie tem origem de um dos pais, através da relação:

Capacidade de transmissão =
$$\frac{\text{Valor genético aditivo}}{2}$$
, e

Valor reprodutivo = Valor genético aditivo

A estimativa do valor genético aditivo é feita a partir de informações fenotípicas de diferentes fontes, como: efeitos da idade da mãe sobre pesos e ganhos em peso da progênie, principalmente, na fase pré-desmama; sexo; idade do animal; manejo alimentar; etc. Além disso, essas informações podem ser obtidas: do próprio indivíduo; dos ancestrais do indivíduo; da progênie do indivíduo, e de uma combinação de todos estes grupos, ou seja, através da Melhor Predição Linear não Viezada (BLUP, do inglês, *Best Linear Unbiased Prediction*).

Existem diferentes modelos matemáticos para a predição do VGA, dentre eles:

- VGA do próprio indivíduo:

$$VGA = h^2 \cdot (P - \mu)$$
, onde

 h^2 corresponde à herdabilidade do caráter,

P é a performance do animal e

μ refere-se à média do grupo de contemporâneos do rebanho, ou seja, animais que nasceram na mesma época, sob condições e manejo iguais.

A subtração entre P e μ fornece a superioridade ou a inferioridade fenotípica do animal em relação ao grupo de contemporâneos.

- VGA para indivíduos com múltiplas produções da mesma característica:

$$VGA = \frac{n \cdot h^2}{1 + (n-1) \cdot r} \cdot \sum \frac{P - \mu}{n}$$
, onde

n é o número de produções,

r é a repetibilidade; e

 $\sum \frac{P-\mu}{n}$ é a superioridade/inferioridade fenotípica média do animal em relação ao grupo de contemporâneos.

Este modelo pode ser empregado em casos como a avaliação de vacas considerando suas diferentes lactações; de leitegadas, de acordo com a variação no número de leitões de uma porca, etc.

- Diferença Esperada na Progênie (DEP):

Este método possibilita a mais acurada análise do VGA para várias características de importância econômica por predizer a habilidade de transmissão de animais como pais através dos gametas (espermatozoides e óvulos). Portanto, a DEP estima o mérito genético médio dos gametas de um

determinado indivíduo baseado no número e no tipo de informações que variam entre indivíduos.

Para facilitar o entendimento, vamos analisar um exemplo relacionado ao peso de bezerros à desmama? Considerando que a DEP do touro A seja 20 kg, isto é, a média de ganho de peso ao desmame da progênie do touro A seja de 20 kg, e a DEP do touro B 10 kg, a diferença entre eles é de 10 kg a desmama. Ou seja, a progênie do touro A difere em 10 kg a mais em relação à média da progênie do touro B. Cabe ressaltar que devido ao fato de as DEPs seguirem distribuição normal, esta comparação sempre envolverá o conceito de média, e que há diversas formas para o seu cálculo, desenvolvidos por instituições, como a *Beef Improvement Federation*, dos Estados Unidos da América.

Cabe destacar que quanto maior o número de informações, ou seja, quanto maior for a progênie, mais elevada será a confiabilidade da estimativa da DEP. A esta confiabilidade se dá o nome de acurácia, que varia entre 0 e 1, sendo os valores mais próximos de 1 indicam maior confiabilidade na predição. Na prática, a acurácia significa o quanto do "risco" foi removido durante a análise da DEP de um animal. Por exemplo, se um animal apresenta valor de acurácia de 0,20 significa que apenas 20% do risco associado à DEP foi removido, enquanto que um animal com acurácia de 0,95 significa que 95% do risco associado à DEP foi removido pela informação utilizada na análise.

Com o aumento da demanda, foi necessário o desenvolvimento de um método que permitisse a avaliação genética em larga escala, considerando as informações de animais em diferentes rebanhos ou localidades geográficas. Dessa forma, a partir da década de 1980, passaram a ser utilizados modelos mistos e o modelo de Máxima Verossimilhança Restrita, permitindo obter uma melhor predição linear não-viezada (BLUP). Este método estima, ao mesmo tempo, efeitos fixos (por exemplo, efeito de grupos contemporâneos) e efeitos aleatórios (por exemplo, efeitos genéticos de touros).

Dentre os modelos estatísticos específicos para os modelos mistos de avaliação genética estão o modelo touro, o modelo touro-avó-materno, o modelo touro-vaca, o modelo animal e o modelo animal reduzido. A escolha de qual modelo utilizar deverá ser realizada pelo melhorista para se alcançar os objetivos e também dependerá do número e do tipo de informações disponíveis, bem como de recursos computacionais.

Atualmente, os modelos mais utilizados e mais importantes são o modelo touro e o modelo animal. Ambos consideram a ocorrência de acasalamentos dirigidos; diferenças genéticas entre grupos; a DEP de todos os indivíduos; e informações de parentesco. Entretanto, o modelo touro utiliza apenas as

informações das progênies associadas aos seus respectivos genitores, permitindo avaliar apenas os touros. Já o modelo animal permite avaliar touros e vacas ao mesmo tempo, além de apresentar maior acurácia para grandes conjuntos de dados de parentesco.

Verneque et al. (1999) avaliaram os valores genéticos (capacidade de transmissão) para a característica produção de leite para um total de 529 touros, através dos modelos touro e animal, em animais da raça Gir. Os dados foram obtidos de um programa de avaliação de teste de progênie, sendo o número de lactações (12.762); o número de filhas para cada touro (5.757); época do parto; composição genética (puro Gir e mestiços Holandês-Gir); idade da vaca ao parto; e as repetições de produção de leite por cada vaca. Além disto, no modelo animal foram também utilizados os próprios animais (touro, mãe, filha) como efeito aleatório (efeito genético aditivo), e, no modelo touro, foi utilizado o efeito touro, sendo 761 animais ao todo (529 touros e as respectivas filhas). Os resultados deste trabalho mostraram que a utilização destes testes para a escolha dos melhores touros apresentou uma diferença de apenas 2% a mais para o modelo animal, mostrando que ambos apresentam elevada confiabilidade.

A seleção, em melhoramento genético animal, refere-se ao aumento na frequência de alelos desejáveis e, consequentemente, à diminuição de alelos desfavoráveis, de acordo com as características de interesse.

Diferentemente da seleção natural, descrita por Darwin (1809-1882), e que se refere à sobrevivência dos indivíduos melhor adaptados ao meio (ou seja, que preservam o valor adaptativo), a seleção artificial regula o progresso genético por meio: de suficiente variação genética entre os indivíduos, da frequência gênica e da intensidade de seleção exercida sobre cada característica. Contudo, a seleção de indivíduos superiores pode prejudicar seu valor adaptativo, ou seja, pode causar perdas genéticas que conferem resistência e tolerância ao ambiente. Portanto, é importante a compatibilização do ambiente onde os animais serão criados com a potencialidade genética.

Vamos pensar em gado de corte para exemplificar o efeito do ambiente na produção animal? Antes, vamos reforçar que, no caso de produção animal, o ambiente engloba clima, tipo de solo e de pastagens, nutrição, manejo, etc. As raças bovinas utilizadas para o corte, ao contrário do que ainda muitos pensam, são bastante exigentes quanto ao clima, sendo a incidência de radiação o principal fator de estresse para os animais, resultando em diminuição da alimentação e do metabolismo energético, e em aumento da frequência respiratória, da temperatura corporal e da taxa de sudação. Dependendo do nível do estresse térmico, os animais podem até mesmo ir a óbito.

Num estudo feito por Glaser (2008), demonstrou-se a diferença de comportamento de animais das raças Nelore, Caracu e Angus. Os animais da raça Angus procuraram, com maior frequência, pela sombra e por água durante os horários do dia de maior temperatura, momentos em que a atividade de ruminação e ócio foram também maiores. Em contrapartida, os bovinos da raça Nelore não fizeram uso da sombra nos horários mais quentes, enquanto que os indivíduos da raça Caracu utilizaram os recursos disponíveis de forma moderada. Sendo, portanto, o estresse térmico a principal causa de perda na produção em gado de corte, é de grande importância a correta escolha da raça de acordo com a região em que os animais serão criados. Entretanto, mesmo os animais já reconhecidos como tendo boa resistência térmica, como os zebuínos da raça Nelore, a disponibilização de sombra eleva, por exemplo, a atividade de ruminação, influenciando na conversão alimentar dos animais.

A eficiência da seleção, ou seja, a predição do quanto os descendentes serão geneticamente superiores em relação aos pais, é dada pela equação:

 $\Delta G = h^2 \cdot \Delta S$, onde:

 ΔG =ganho genético esperado;

 ΔS = diferencial de seleção padronizado = $i\sigma_p$, onde

i = intensidade de seleção; e

 σ_p = variância da característica na população.



Pesquise mais

Há diferentes tipos de seleção para a escolha dos animais que serão os pais das próximas gerações, sendo possível utilizar sua própria informação ou a de seus parentes. Os tipos de seleção são: individual, entre famílias e dentro de famílias. O capítulo 3 do livro *Teoria do Melhoramento Animal*, traz um didático detalhamento dos diferentes tipos de seleção. Portanto, pesquise mais em:

LOPES, P. S. **Teoria do Melhoramento Animal**. Belo Horizonte: FEPMVZ--Editora, 2005. 118 p.

O termo parentesco refere-se à semelhança de genótipos, no qual indivíduos irmãos completos possuem os mesmos pais; os meio-irmãos têm, ao menos, o mesmo pai ou a mesma mãe; os primos em primeiro grau possuem em comum pelo menos um dos avós, e assim por diante.

O cálculo desta semelhança genética é realizado através do coeficiente de parentesco, definido como a probabilidade de dois animais possuírem genes idênticos,

presente em um ascendente comum. Este cálculo consiste na contagem do número de gerações entre dois indivíduos e seus ascendentes comuns, como segue:

$$R_{xy} = \sum (0,5)^{n+n'}$$
, onde:

 R_{xy} = grau de parentesco entre X e Y;

n = número de gerações entre o ascendente comum e o animal X; e

n' = número de gerações entre o ascendente comum e o animal Y.

Note que os valores de parentescos são valores médios e, numa população com vários irmãos completos, eles terão, em média, 50% de genes em comum a mais do que os indivíduos não relacionados.

Em contrapartida, a consanguinidade (ou endogamia) consiste no acasalamento de indivíduos com algum grau de parentesco e restrita a uma população ou a um conjunto de animais. Portanto, indivíduos consanguíneos possuem maior probabilidade de receberem genes idênticos de seus pais, que são aparentados, devido a estes genes serem cópias de um mesmo gene presente em um ancestral comum.

Como resultado, a consanguinidade gera uma maior semelhança genética, causando um aumento da homozigose na progênie, ou seja, maior quantidade de alelos iguais, acima do observado em filhos de pais sem parentesco.

O coeficiente de consanguinidade pode ser definido como:

- A mensuração da homozigose de animais consanguíneos, comparando-os com animais sem parentesco e da mesma população.
- A expressão da homozigose a mais em relação à população onde os acasalamentos ocorrem ao acaso.
- A representação da correlação média entre os gametas que formaram os indivíduos consanguíneos.
- A probabilidade dos gametas paternos possuírem alelos iguais.

O cálculo do coeficiente de consanguinidade mensura a probabilidade de um indivíduo possuir, em um determinado *locus*, alelos iguais por descendência, segundo a fórmula:

$$F_X = \sum (0,5)^{n-n'+1} \cdot (1+F_A)$$
, onde:

 F_x = coeficiente de consanguinidade do animal X

n e n' = número de gerações na quais os pais são relacionados

 F_A = coeficiente de consanguinidade do ascendente comum



Assimile

O aumento da homozigose, decorrente da consanguinidade, quando em genes dominantes, auxilia na impressão das características na progênie. Este é o motivo pelo qual os produtores utilizam da endogamia nos rebanhos, mantendo a pureza das raças. Contudo, o processo de endogamia também pode resultar na fixação de genes denominados letais ou deletérios, que podem causar doenças, diminuição da fertilidade e do potencial de adaptação, ou mesmo a morte do embrião/neonato, e que, em sua maioria, são de ação recessiva. A identificação de animais com potencial de transmissão de tais genes é muito importante, e dentre as formas de identificação estão a análise de pedigree e por marcadores moleculares, que são sequências de nucleotídeos específicas para detectar regiões contendo os genes deletérios/letais por meio de técnicas como a Reação em Cadeia da Polimerase (PCR).

A seleção por meio da análise do pedigree (genealogia) dos animais pode ser um aditivo à seleção individual, pois permite estimar o valor genético de cada animal pelo conhecimento dos valores fenotípicos de seus ascendentes e da média contemporânea dos ascendentes (animais que nasceram na mesma época e foram criados no mesmo ambiente). No entanto, esta prática ainda enfrenta dificuldades devido ao fato de que, antigamente, os registros genealógicos priorizavam aspectos de números (como premiações recebidas) e de estética dos ascendentes, faltando a informação sobre características funcionais.

A Figura 3.1 ilustra a genealogia de bovinos, em que é possível identificar o grau de parentesco dos indivíduos ascendentes.

Figura 3.1 | Diagrama ilustrativo da genealogia em bovinos



Fonte: elaborada pela autora.

Ao analisar a Figura 3.1, podemos verificar que o animal G é um dos genitores dos animais D e F, caracterizando-os como meio-irmãos. Este mesmo grau de parentesco é observado para os animais B e C, que possuem como genitor em comum o animal D. Será que o animal E apresenta parentesco com algum outro de seus contemporâneos (D e F)? Não temos como responder a esta pergunta, pois apenas um de seus genitores é conhecido (animal I). Observe que o uso de genitores ancestrais em comum resulta em progênies com alto grau de consanguinidade, como o acasalamento de meio-irmão demonstrado pelos animais D e F. Apesar de útil e importante para o melhoramento das raças de animais de produção, a consanguinidade pode resultar no aumento da homozigosidade e, consequentemente, para o surgimento e/ou aumento na frequência de alelos desfavoráveis e até mesmo letais.

Ainda refletindo sobre o tema consanguinidade, estaria este fator de alguma forma relacionado à queda da fertilidade e da saúde do gado leiteiro, que vem preocupando criadores e melhoristas?

A observação de precarização da fertilidade e da saúde do gado leiteiro, concomitante ao sucesso nos altos índices de produção de leite, tem causado preocupação. Mas, vamos conhecer alguns aspectos que foram alterados naturalmente nos animais selecionados artificialmente para a característica produção de leite.

Os animais que produzem maior quantidade de leite necessitam também de maior consumo de alimento. Entretanto, este maior consumo alimentar não supre os gastos energéticos do animal, sendo direcionados quase que exclusivamente para a produção de leite. Um dos resultados deste direcionamento nutricional é a diminuição da formação de gordura corporal (reserva energética), regulada pela ação hormonal e que prejudica o desempenho reprodutivo.

Em adição à deterioração da fertilidade, vem sendo observado também o aumento na prevalência de algumas doenças, como cetose, mastite, claudicação, cistos ovaríamos e deslocamento do abomaso. Este cenário conduz à diminuição da vida útil dos animais, elevando a taxa de descarte e de mortalidade. Um fato que também tem contribuído para este cenário é a utilização, nas principais raças leiteiras, de sêmen e embriões de poucos reprodutores selecionados no mundo inteiro, causando elevado grau de consanguinidade nestas populações. O Brasil, um grande consumidor de sêmen importado para a criação de gado leiteiro, tem enfrentado problemas, como o aumento no intervalo entre partos de vacas da raça Holandesa e vida útil de somente 2,7 lactações por animal (SOARES, 2016).

Mas nem tudo está perdido! Existem ferramentas para reverter este cenário, e algumas delas são: o cruzamento entre raças (que auxilia no ganho da variabilidade genética); a utilização de linhagens diferentes (que também pode propiciar o aumento da variabilidade genética do rebanho); e a utilização de reprodutores dentro de cada raça. Porém, qualquer ação deve ser tomada apenas após o respaldo de pesquisas científicas prévias ou com o acompanhamento técnico especializado.

Vamos falar, agora, sobre o teste de progênie? O teste de progênie é a avaliação dos reprodutores por meio do desempenho de suas progênies, ou seja, ele estima o valor gênico do animal (*Breeding Value*), de acordo com as informações de desempenho da progênie. Para tanto, é necessário obter o coeficiente de regressão do valor gênico do animal, em função da média da progênie de *n* meio-irmãos, como segue:

$$b_{A\overline{P}} = \frac{nh^2}{2[1+(n-1)t]}$$
, onde:

 $b_{{}_{A\overline{P}}}\!=\!$ regressão do valor gênico do indivíduo em relação à média de sua progênie;

n = número de progênies que formam a média \overline{P} ; e

t = correlação intraclasse entre meio-irmãos paternos.

Para estimar a precisão do teste de progênie utiliza-se a fórmula:

$$r_{A\overline{p}} = h\sqrt{\frac{n}{4 + (n-1)h^2}}$$
, onde:

 $r_{{}_{\!A}\overline{{}_{\!P}}}=$ correlação entre o valor genético do indivíduo e a média de sua progênie;

h = raiz quadrada da herdabilidade da característica; e

n = número de progênie por reprodutor

A precisão deste teste mede a correlação do reprodutor com a média fenotípica de sua progênie, porém, a herdabilidade é também uma característica importante para uma seleção eficiente. Quanto maior a herdabilidade da característica, menor será o número de progênies necessárias para analisar o animal candidato a reprodutor. Na Tabela 3.7 mostra esta variação no número de progênie necessário, considerando diferentes valores de herdabilidade.

Tabela 3.7 | Precisão do teste de progênie segundo diferentes estimativas de herdabilidade e de progênie por reprodutor

Número de		Eficiência	da seleção se	gundo a hero	labilidade	
Progênie	0,10	0,20	0,30	0,40	0,60	0,70
5	0,34	0,46	0,54	0,60	0,68	0,72
10	0,45	0,58	0,67	0,73	0,79	0,82
15	0,53	0,66	0,74	0,79	0,85	0,87
20	0,58	0,72	0,79	0,83	0,88	0,90
25	0,63	0,75	0,82	0,86	0,90	0,92
30	0,66	0,78	0,84	0,88	0,92	0,93
35	0,69	0,80	0,86	0,89	0,93	0,94
40	0,71	0,82	0,87	0,90	0,94	0,95
45	0,73	0,84	0,89	0,91	0,94	0,95
50	0,75	0,85	0,90	0,92	0,95	0,96

Fonte: Pereira (2008, p. 184).

O teste de progênie é amplamente utilizado para gado leiteiro, devido ao fato de o valor genético do reprodutor para a característica "produção de leite" poder ser avaliado apenas através de suas filhas. Entretanto, trata-se de um teste que gera custos elevados e requer longo período para ser realizado, além da necessidade de que outros criadores tenham interesse em testar touros ou inseminar matrizes com o sêmen de touros selecionados.

Uma prática que vem crescendo, e que apresenta grande importância no sucesso de seleção de reprodutores por meio de testes como o de progênie, é a integração dos produtores às associações de criadores. Talvez você já tenha conhecimento sobre estas associações, como: a Associação Brasileira de Criadores de Zebuínos (ABCZ), que desenvolveu o Programa Nacional de Melhoramento Genético do Guzerá (PNMGG) para a produção de leite, desde 1994; a Associação Brasileira de Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL), que elaborou o Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL); e a Associação Brasileira de Criadores de Girolando, que arquitetou o Programa de Melhoramento Genético da raça Girolando (PMGG). Os associados possuem a vantagem de poder disseminar, gratuitamente, em seus rebanhos, o sêmen de touros selecionados pelos programas, além de ter seus animais avaliados periodicamente por técnicos especializados.

Em geral, o teste de progênie também é indicado: para características de baixa herdabilidade, contribuindo para a eficácia da seleção individual; para características que só podem ser medidas em um dos sexos (por exemplo, lactação) ou que só podem ser medidas após a morte do animal (por exemplo, características da carcaça); e para populações grandes, em especial nas quais o uso de inseminação artificial é intenso.



Reflita

A definição de teste de progênie é a avaliação dos melhores reprodutores através do desempenho de sua progênie. Mas, você já questionou o porquê são avaliados os machos e não as fêmeas para programas de melhoramento genético animal?

Vamos refletir juntos sobre as características reprodutivas dos bovinos? Uma fêmea pode produzir poucas dezenas de progênies ao ano, desde que haja a prática de técnicas para que ocorra a superovulação destas fêmeas ou de transferência de embriões. E quanto aos machos? Considerando que a produção de sêmen é diária, os machos podem produzir centenas de progênies com o auxílio da técnica de inseminação artificial, o que facilita a disseminação do patrimônio genético através de machos identificados como superiores.

Sem medo de errar

Sr. Henrique, proprietário da Fazenda Rosal, está precisando de auxílio técnico para a seleção de animais para que os cruzamentos resultem em progênies superiores para a produção de leite. Além disso, o proprietário propôs utilizar o teste de progênie para se alcançar o resultado de melhor rebanho. Considerando o objetivo de elevar a produção de leite por meio da seleção, você, consultor da empresa ProdGen, concordaria com a proposta do Sr. Henrique? Quais aconselhamentos você faria para que o objetivo seja alcançado com maior sucesso?

A proposta sugerida pelo Sr. Henrique, para a realização de teste de progênie para melhorar a qualidade de seus animais e, consequentemente, elevar a produção de leite em sua propriedade é uma alternativa válida. Este teste é amplamente utilizado para gado leiteiro e tem sido um importante aliado no melhoramento genético destes rebanhos. Entretanto, é necessário considerar que este tipo de estratégia demanda tempo e investimento. Sendo assim, uma alternativa seria a aquisição de sêmen de touros já testados para esta característica e disseminá-lo em suas vacas e fazer o acompanhamento das progênies em sequência, apenas como garantia de que o sêmen adquirido tenha mesmo origem de um animal com genótipo favorável para a característica de produção de leite e com bom potencial de transmissão da característica para suas filhas. Além disso, fazendo o acompanhamento das filhas fêmeas, é possível também melhorar a qualidade do rebanho de vacas elevando não apenas a produtividade, mas também a qualidade do produto final. Há outras formas de conduzir este melhoramento, por exemplo, se associando a instituições pioneiras em melhoramento. Por exemplo, para bovinos da raça Gir há ABCGIL (Associação Brasileira de Criadores de Gir Leiteiro), que trabalham em conjunto com a EMBRAPA Gado de Leite há anos desenvolveram um Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (PNMGL).

Avançando na prática

O lado negativo da seleção genética

Descrição da situação-problema

Carlos, um jovem estudante de pós-graduação em Melhoramento Genético Animal e cujo projeto de pesquisa ainda está em fase de elaboração, participou de um evento internacional sobre fertilidade e saúde de animais de produção, onde foram apresentados dados alarmantes para bovinos do tipo leiteiro, que, apesar de apresentarem excelente aumento na produção de leite, observou-se também um acentuado decréscimo da fertilidade e aumento na incidência de doenças como deslocamento do abomaso, cistos ovarianos, entre outros. Como consequência, há uma diminuição da vida útil do animal e aumento da mortalidade. Intrigado pelas apresentações do evento, Carlos quer propor ao seu orientador científico a elaboração de um projeto que estude possíveis variáveis para as ocorrências do aumento de doenças e diminuição da fertilidade, uma vez que possuem criadores de gado de leite parceiros de estudos da faculdade. Porém, antes, é necessário que Carlos tenha elaborado as hipóteses sobre as possíveis causas para a evolução dos dados descritos no evento. Dessa forma, quais as possíveis causas para a deterioração da saúde e da fertilidade dos animais, e quais medidas podem ser instituídas para tentar reverter o quadro sem, no entanto, perder exageradamente a produção de leite?

Resolução da situação-problema

Para elaborar a hipótese da proposta de projeto que irá apresentar ao seu orientador científico, Carlos aponta para a possibilidade de, ao realizar a seleção artificial de animais reprodutores para o melhoramento da produção de leite, há o risco de selecionar também alelos desfavoráveis e que podem causar distúrbios quanto à fertilidade e à incidência de doenças. Como o aumento destas características negativas ocorreu concomitantemente com o aumento na produção de leite, Carlos pode supor que umas das possíveis causas foi a própria seleção artificial, devido à ocorrência de cruzamentos consanguíneos (endogamia), que contribui para o aumento da homozigosidade, elevando o risco de ocorrer eventos desfavoráveis. Carlos também pode lembrar sobre o uso globalizado de sêmen dos poucos touros reprodutores, o

que eleva a taxa de endogamia acentuadamente. Dentre as possíveis medidas que podem auxiliar na solução deste negativo cenário, ele pode citar o uso do cruzamento entre raças e de linhagens diferentes. Estas medidas direcionam para o aumento da variabilidade genética dentro de cada raça, elevando o grau de fertilidade e diminuindo os riscos de doenças.

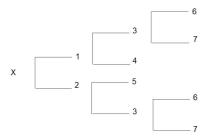
Faça valer a pena

1. Compreende na coleta do sêmen dos reprodutores que se deseja testar e na distribuição deste sêmen para ser utilizado na inseminação artificial das fêmeas disponibilizadas. A partir das inseminações artificiais, são produzidas as progênies que terão os desempenhos registrados. Logo, são obtidas informações de dezenas de progênies de cada reprodutor, permitindo uma estimativa acurada do valor genético dos reprodutores (FACÓ, 2006).

Assinale a alternativa que indica corretamente qual análise em melhoramento genético foi descrita no texto apresentado:

- a) Desempenho Esperado da Progênie.
- b) Ganho Genético.
- c) Parentesco.
- d) Consanguinidade.
- e) Teste de Progênie.
- **2.** A consanguinidade, ou endogamia, é a transmissão de genes idênticos à progênie através de acasalamento entre pais com algum grau de parentesco. Observe o pedigree (genealogia, linhagens ancestrais de um animal) ilustrado na figura a seguir:

Figura 3.2 | Ilustração em diagrama da análise de pedigree



Fonte: elaborada pela autora.

Considerando o pedigree apresentado, leia atentamente as assertivas a seguir:

I - X é um animal consanguíneo porque seus pais são meio-irmãos.

- II 3 é um animal consanguíneo porque seus pais são irmãos completos.
- III 4 e 5 são meio-irmãos paternos.
- IV 6 e 7 não são animais consanguíneos.
- V 1 e 2 são meio-irmãos.

Assinale a alternativa que contenha apenas as assertivas corretas.

- a) Apenas as assertivas I; II e IV estão corretas.
- b) Apenas as assertivas II; III e V estão corretas.
- c) Apenas as assertivas III; IV e V estão corretas.
- d) Apenas as assertivas I; II e V estão corretas.
- e) Apenas as assertivas I; II e III estão corretas.
- **3.** Considere um rebanho de bovinos de corte, no qual o peso à desmama seja de 150 kg e o desvio padrão de 15 kg. Se forem selecionados 50% dos animais com os melhores resultados, é dado que a intensidade de seleção para a característica "peso à desmama" é de 0,80.

Com base nas informações apresentadas, assinale a alternativa que contenha os valores corretos para o diferencial de seleção e de ganho genético, respectivamente.

- a) 12 kg; 4,8 kg.
- b) 15 kg; 3,5 kg.
- c) 10,5 kg; 2,4 kg.
- d) 24 kg; 7,2 kg.
- e) 11,9 kg; 1,7 kg.

Biotecnologia aplicada aos animais de produção

Diálogo aberto

Prezado aluno, nesta terceira seção, você aprenderá sobre as principais técnicas desenvolvidas pela biotecnologia que são aplicadas para a reprodução animal, com o objetivo de melhorar geneticamente os rebanhos.

Sobre este assunto, você, certamente, já ouviu falar sobre a técnica de inseminação artificial, pelo menos em humanos. Aliás, você sabia que a reprodução humana só pôde se beneficiar desta técnica por ela ter sido, anteriormente, muito bem estudada e aprimorada em bovinos? Interessante, não é? Você conhecerá também outras técnicas, como produção in vitro de embriões, microarranjos, sequenciamento genômico e aprenderá sobre a importância do pedigree e dos bancos de germoplasmas. Vamos juntos explorar este universo biotecnológico? Então, para você colocar em prática o seu aprendizado teórico, vamos nos recordar que o Sr. Henrique, proprietário da Fazenda Rosal, famosa pela produção de gado da raça Nelore, vem percebendo uma queda na produtividade de seu rebanho, além do aumento considerável no número de natimortos (fetos que morrem durante o desenvolvimento intrauterino), nos últimos anos. Sendo você o representante da ProdGen, empresa de consultoria em melhoramento genético contratada para solucionar esta questão, e diante dos fatos descritos, qual hipótese poderia ser levantada para justificar a queda na produção e o elevado número de natimortos? O que pode ser sugerido como medidas para reverter estes problemas?

Boa sorte em mais esta etapa, e mãos à obra!

Não pode faltar

"Qualquer aplicação tecnológica que usa sistemas biológicos, organismos vivos ou seus derivados para criar ou modificar produtos e processos para usos específicos" (BRASIL, 2010, p. 24). Apesar de existirem diferentes definições para o termo biotecnologia, esta foi estabelecida durante o marco da Convenção Sobre Diversidade Biológica, em 1992, e aceita por diversos países e entidades como FAO (Organização das Nações Unidas para a Agricultura e Alimentação) e OMS (Organização Mundial da Saúde).

O reconhecimento da biotecnologia como ciência é, consideravelmente, recente, porém processos biotecnológicos são utilizados desde a antiguidade, como a fermentação, cuja ação microbiológica para o processo foi

comprovada por Louis Pasteur, que identificou também que, para cada tipo de fermentação, diferentes e específicos microrganismos anaeróbicos eram necessários, eliminando a teoria que prevalecia até então que dizia que a fermentação era um processo puramente químico.

Outro importante marco da biotecnologia ocorreu com a descoberta do antibiótico penicilina, por Alexander Fleming, e sua produção industrial. Entretanto, foi a partir da descoberta da estrutura e composição da molécula do DNA, no início da década de 1950, e da tecnologia do DNA recombinante, na década de 1970, que a biotecnologia passou a utilizar a informação genética a partir do DNA.

Dentre as diversas áreas abrangidas pela biotecnologia está a reprodução animal, que afeta de forma direta a eficiência e a rentabilidade da produção, ou seja, a eficácia dos sistemas reprodutivos depende das taxas de fêmeas em estro, e da fecundação em sistemas de sincronização ou indução da ovulação, seguido de inseminação após a identificação do estro ou em tempo fixo. Vamos entender melhor este conceito? Tomemos como exemplo os bovinos que apresentam intervalo de parto de 12 meses, entretanto, são relatados intervalos com duração de 14 a 21 meses, o que compromete a rentabilidade do sistema. Colocando em números, considerando que o rebanho brasileiro possua aproximadamente 72 milhões de fêmeas acima de 24 meses (idade reprodutiva), gerando por ano 50 milhões de bezerros, significa que 22 milhões de fêmeas não estão reproduzindo; indo além, sabendo-se que o Brasil possui uma média de uma vaca por hectare, tem-se um total de 22 milhões de hectares sem produzir pelo período todo do ano (GIMENES et al., 2015).

Este exemplo evidencia a importância da melhor utilização do espaço, ou seja, maior produção num mesmo espaço já utilizado, sem a necessidade de expandir áreas, resultando em maior degradação do meio ambiente. Neste contexto, a biotecnologia aplicada à reprodução animal possui grande importância para a melhoria dos índices de eficiência reprodutiva por meio de diversas técnicas, como as que serão descritas nesta seção. Vamos a elas?

A mais antiga técnica utilizada na reprodução animal é a Inseminação Artificial (IA), cujos resultados têm impactado a produção animal, sendo fortemente utilizada em bovinos e também aplicada em demais espécies de interesse zootécnico, como suínos, aves e ovinos, e consiste na introdução mecânica de sêmen selecionado em fêmeas no cio. Nesse ponto, talvez você possa estar se perguntando: como ela é feita?

Após a coleta, o sêmen passa por avaliações quanto à motilidade, concentração e morfologia dos espermatozoides. Em muitos casos, é realizada

também a sexagem do sêmen, sendo prioritários espermatozoides contendo o cromossomo Y quando o objetivo é a reprodução para animais de corte, e contendo o cromossomo X, quando o intuito é o nascimento de fêmeas para a produção de leite. A diferenciação dos espermatozoides é feita pelo diferencial de densidade devido ao tamanho maior do cromossomo X em relação ao Y.

No momento da inseminação das fêmeas, alguns cuidados devem ser considerados como a saúde do animal (por exemplo, infecções uterinas), a nutrição e a higiene na condução da técnica. Apesar de simples e amplamente utilizada, fatores como a identificação do estro dificultam o sucesso desta técnica. Este problema é evidente em fêmeas da espécie *Bos indicus*, que apresentam vários estros de curta duração durante a noite. Com o objetivo de minimizar esta dificuldade, foram desenvolvidos programas hormonais que buscam sincronizar e induzir a ciclicidade das vacas e diminuir os efeitos do meio e da amamentação e, com isto, melhorar a taxa de prenhez.

Progestágenos estão entre os hormônios utilizados pelos programas, induzindo e aumentando a fertilidade do estro, dando precisão para o momento da ovulação para a realização da inseminação. Este processo caracteriza a técnica de Inseminação Artificial de Tempo Fixo (IATF). Dentre as vantagens da IATF podemos citar: o aprimoramento genético do rebanho; a diminuição do intervalo entre partos; o aumento da taxa de prenhez, etc.



Pesquise mais

Apesar de bem conhecida e estabelecida em raças bovinas, a inseminação artificial ainda é um desafio para raças de ovinos devido a diferentes questões, dentre elas, os aspectos morfológicos do aparelho reprodutor das fêmeas. O texto indicado a seguir, traz uma discussão sobre este assunto, auxiliando-o a explorar mais profundamente sobre a importância de técnicas biotecnológicas para a reprodução animal. SIMPLICIO, A. A. et al. Biotécnicas da reprodução como técnicas de manejo reprodutivo em ovinos. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**. v. 31, n. 2, p. 234-246, 2007.

Outro hormônio utilizado na reprodução animal é o folículo-estimulante (FSH), produzido naturalmente pela hipófise, induzindo a superovulação das fêmeas, com o objetivo de aumentar o número de descendentes. A aplicação do FSH ocorre por quatro dias após o cio, sendo no terceiro dia realizada a indução de novo cio para a inseminação artificial do animal. Entre o sexto e o sétimo dias após a inseminação, é feita a lavagem intrauterina para recolher os óvulos fertilizados. Os embriões viáveis são separados e congelados ou

transferidos de imediato para o útero de novas fêmeas para se completar a gestação. Esta descrição caracteriza a técnica de transferência de embriões, uma biotecnologia que acelera a seleção animal devido à maior produção de descendentes por fêmea, em relação à fecundação natural.

Os embriões podem também ser desenvolvidos *in vitro*, ou seja, em laboratórios específicos, por meio da técnica de Produção *In Vitro* de Embriões (PIVE). Após a aplicação de protocolo hormonal, as fêmeas passam por um processo de aspiração de folículos, através de uma sonda transvaginal acoplada a um aparelho de ultrassonografia e bomba de vácuo. O amadurecimento dos ovócitos é feito em solução e temperatura adequadas, em estufas, onde ocorrerá também a introdução de espermatozoides selecionados para a fecundação e geração dos embriões. Os embriões viáveis são separados para introdução em fêmeas que completarão a gestação.

Você sabia que atualmente é possível gerar novos indivíduos assexuadamente? E não nos referimos às bactérias, mas aos mamíferos! Isto é possível por meio da técnica de clonagem, em que ocorre a substituição do núcleo do óvulo pelo núcleo da célula somática do doador, gerando um indivíduo idêntico, geneticamente, ao doador. Embora rotineiramente sejam usadas mórulas produzidas *in vitro* ou *in vivo* para a doação dos núcleos, linhagens de células-tronco embrionárias e fibroblastos fetais também vem sendo pesquisados como células doadoras.



Reflita

A clonagem da ovelha Dolly foi o primeiro sucesso desta técnica que envolveu três outras fêmeas: uma foi a doadora do ovócito, a segunda foi doadora do material genético e a terceira realizou a gestação de Dolly. Esta clonagem ocorreu há 20 anos. Sabemos que esta técnica pode auxiliar na manutenção da vida silvestre, evitando a completa extinção de espécies e que também pode, um dia, ser utilizada para a produção de órgãos para transplante em humanos. Mas, quais contribuições esta técnica pode trazer para a área da reprodução animal?

A leitura do texto *Biotecnologias da reprodução animal: Clonagem e transgenia animal,* irá auxiliá-lo nessa interessante reflexão.

VISINTIN, et al. Biotecnologias da reprodução animal: clonagem e transgenia animal. **Revista Ciência Veterinária nos Trópicos**, v. 11, p. 139-144, 2008.

Os avanços tecnológicos também conduziram ao desenvolvimento de técnicas moleculares de reprodução animal, devido à identificação de "marcas" no DNA próximas às regiões gênicas, que permitem o acompanhamento da segregação dos alelos responsáveis por características de interesse

através das gerações. Estes marcadores moleculares possibilitaram a seleção de animais baseada no genótipo, mesmo antes da expressão do fenótipo.

Diante desta possibilidade, se tornou possível também a determinação do mérito genético dos animais ainda em fase embrionária, agilizando o processo de seleção. Entretanto, os marcadores moleculares auxiliam na identificação de características monogênicas ou moduladas por poucos genes.

Mas, você se lembra que as principais características econômicas são poligênicas? A localização de marcadores polimórficos, como microssatélites (unidades de repetição de pares de bases do DNA) e polimorfismos de sítio único (SNP, do inglês, *Single Nucleotide Polymorphism*), que são alterações pontuais de nucleotídeos na sequência de DNA, possibilitou a identificação dos alelos que expressam características poligênicas. Como resultado, são mapeados loci de características quantitativas (QTL, do inglês, *Quantitative Traits Loci*).

O aprimoramento das técnicas de sequenciamento de DNA e de RNA possibilitou a busca por genes candidatos através do sequenciamento de etiquetas de sequências expressas (EST, do inglês, *Expressed Sequence Tag*). As ESTs são sequências de DNA complementar (cDNA), que representam as moléculas de RNAs mensageiros (mRNA). Esta técnica viabiliza a compreensão da influência de variações genéticas sobre uma dada característica, podendo ser aplicada em espécies de interesse comercial.



Assimile

Naturalmente, no núcleo de nossas células ocorre o processo de transcrição dos genes importantes para os mais variados processos metabólicos e de composição estrutural de células e tecidos, ou seja, processos para a vida de qualquer organismo. Os produtos da transcrição de genes são moléculas de RNA mensageiro (mRNA) que, após um processo de maturação, são transportados para fora do núcleo celular, chegando ao citoplasma, onde serão traduzidos numa proteína que exercerá a devida função. É desta forma que os fenótipos são construídos! A descoberta da enzima transcriptase, utilizada por retrovírus e que transcreve moléculas de RNAs em DNAs complementares (cDNA), tornou possível estudos para a identificação de genes candidatos (genes cuja expressão está relacionada a alguma característica de interesse). Estas sequências de cDNA são denominadas de etiquetas de sequências expressas (EST), as quais são sequenciadas e identificadas.

O sequenciamento de ESTs possibilita não apenas o conhecimento quanto à posição dos genes dentro do genoma (conjunto de todos os genes de um organismo, contidos nos cromossomos), como também serviu para o desenvolvimento de uma técnica denominada de microarranjos, utilizada para a identificação do padrão de expressão gênica em larga escala (vários genes concomitantemente). Pelo fato de que as características fenotípicas apresentam diferentes níveis de expressão, uma visão global do diferencial de expressão auxilia na identificação de genes específicos, ou da expressão gênica, em raças distintas, contribuindo também para a determinação de funções biológicas por meio da identificação dos padrões de expressão em cada tecido/órgão.

Entretanto, estas técnicas possuem algumas limitações, dentre elas, o conhecimento prévio necessário acerca da sequência do gene de interesse. Neste contexto, o sequenciamento de todo o genoma permite análise global dos genes e das variações genéticas sem prévio conhecimento das sequências dos genes.



Pesquise mais

O Centro Nacional de Informação Biotecnológica (NCBI) alberga dados de sequenciamento de genes e de genomas completos no seu Genbank (banco de genes), além de manter um índice de artigos de investigação biomédica, disponibilizados nas bases de dados PubMed Central e PubMed.

Você pode visitar este importante banco de dados, onde é possível acessar sequências de DNA, de RNA e de proteínas, conhecer suas funções biológicas e os projetos nos quais estas sequências foram identificadas. Para isso, pesquise mais em:

NCBI – National Center for Biotechnology Information.

Você pode fazer as buscas digitando o nome científico do organismo de interesse, por exemplo, o *Bos taurus*, ou simplesmente, *bovine*.

Dentre as espécies domésticas, o frango foi o primeiro animal a ter sequenciado seu genoma completo, possibilitando a identificação de mais de dois milhões de SNPs, o que facilita a determinação de genes candidatos. Convenientemente, foi desenvolvida uma técnica que reúne estes SNPs em chips, possibilitando a genotipagem (identificação do genótipo) de uma população inteira ao mesmo tempo, agilizando e minimizando os custos da análise.



Saiha mais

Genotipagem é o processo pelo qual pequenas regiões variáveis do DNA, denominadas de marcadores, são identificadas por meio da técnica de

Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Sendo assim, inicialmente, é realizada a extração e purificação das moléculas de DNA das amostras dos animais que serão investigados e este DNA é submetido à reação de PCR, que amplificará a região de interesse, aumentando o seu número de cópias, possibilitando a sua detecção e caracterização. Um detalhe importante, é que para a amplificação apenas da região de interesse é necessária a utilização de pequeninas sequências de nucleotídeos, denominadas oligonucleotídeos iniciadores, que irão reconhecer e se ligar à região de interesse na molécula de DNA.

Como exemplo, a amplificação do gene GDF-8 (*Growth Differentiation Factor*-8) em bovinos de corte possibilita identificar animais com a mutação nt821, localizada no exon III deste gene e que caracteriza a síndrome da musculatura dupla, cujo fenótipo é a hipertrofia muscular.



Exemplificando

Dentre as inúmeras contribuições na seleção de animais por meio de técnicas moleculares, citamos o gene halotano em suínos. Animais com genótipo homozigoto apresentam uma musculatura pálida, mole e exsudativa, ou seja, de baixa qualidade para o consumo humano, enquanto que os animais heterozigotos apresentam carcaça com as qualidades requeridas. As técnicas atuais de genotipagem permitem a identificação rápida e eficiente de indivíduos homozigotos por meio de simples amostras de pelos, ou seja, trata-se de um método não invasivo. Atualmente, todos os suínos pertencentes a programas de melhoramento genéticos são testados para essa mutação, impedindo o acasalamento de indivíduos homozigotos, o que comprometeria a qualidade do produto e os ganhos dos produtores.

Sabemos que a identificação do genótipo considerado superior para uma característica de interesse é essencial para a sua distribuição em populações, promovendo a melhoria dos rebanhos. Vimos também, que as técnicas biotecnológicas desenvolvem este papel de forma eficiente e com elevada acurácia. Entretanto, para obter uma avaliação genética de animais reprodutores com maior nível de confiança, é necessário também considerar as informações genealógicas de cada indivíduo. Os registros genealógicos auxiliam na seleção pelo pedigree e no sucesso dos programas de melhoramento, além de evitarem altos níveis de endogamia no rebanho. Porém, os registros genealógicos podem conter erros decorrentes de, por exemplo, identificação incorreta dos animais e troca de sêmen. Estes erros podem gerar consideráveis

perdas econômicas aos produtores e comprometerem a confiabilidade e a qualidade de seu produto.

Para compreendermos melhor a importância da correta informação genealógica (pedigree), observemos os resultados descritos por Ron et al. (1996) sobre um estudo realizado em bovinos de leite: se numa população de 100 mil vacas leiteiras ocorrer um erro de pedigree de 5%, a redução no progresso genético será de igual valor. Colocando em números, a perda anual seria de 500.000 quilos de leite e, considerando o quilo do leite a US\$ 0,10, a perda anual seria de US\$ 50.000.

Técnicas de tipagem sanguínea foram desenvolvidas para impedir tais erros de genealogia, as quais consistem na identificação de fatores sanguíneos por sorologia ou de variantes proteicas, através de eletroforese (técnica em que as variantes proteicas são separadas em gel de agarose ou de poliacrilamida, de acordo com os respectivos pesos moleculares). Entretanto, testes de pedigree utilizando a informação genética elevam a acurácia, sendo realizados por meio da identificação de microssatélites, que são herdadas pela progênie. Os testes de DNA excluem quase que 100% o risco de escolher um falso parentesco, além da possibilidade de se utilizar amostras como bulbos de pelos para a análise, o que facilita todo o processo. Além disso, as análises podem ser realizadas mesmo com animais mortos, mediante amostras como as de ossos.

Outra importante questão é a de que raças nativas desapareceram completamente ou estão em processo de extinção, devido aos cruzamentos programados em busca de raças mais produtivas e melhoradas geneticamente. Isso conduziu vários órgãos, como a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), a Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO) e o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), a investirem na preservação e na melhoria genética das raças existentes através da criação de bancos de germoplasmas. Mas, o que seria isso? O termo germoplasma se refere a qualquer estrutura de um organismo capaz de dar origem a indivíduos da mesma espécie e os bancos de germoplasmas são unidades de conservação do material genético para uso imediato ou futuro, sendo que esta conservação da informação genética de raças nativas pode ser importante para futuro aprimoramento na produção, uma vez que raças nativas podem ser mais produtivas em seu ambiente em relação às raças exóticas melhoradas, e pelo fato de que as raças nativas podem servir de bancos genéticos para o melhoramento das raças utilizadas em programas de melhoramento, auxiliado no aumento da produção.

Outros motivos para a construção de bancos de germoplasmas são: a possibilidade de introdução de variação genética, que pode ser drasticamente diminuída devido aos programas de seleção, podendo acarretar em perda da

produção, da qualidade e em anomalias genéticas indesejáveis; a compreensão dos mecanismos de resistência parasitária, uma vez que raças nativas foram expostas a diversos parasitas, sobrevivendo os indivíduos mais resistentes; e, até mesmo, questões como alterações no ambiente onde estes animais são criados atualmente, como a utilização de produtos de baixo custo, visando a diminuição do uso de grãos e derivados utilizados para o consumo humano.

A preservação de raças nativas ainda enfrenta desafios frente a uma economia competitiva, quando comparados ao potencial genético de raças melhoradas, além de serem consideradas como um atraso na exploração genética. Entretanto, cabe ressaltar que os bancos de germoplasmas, na verdade, constituem autênticas reservas de genes, principalmente quando ocorre perda da variação genética em decorrência dos processos de seleção artificial.

Sem medo de errar

Conforme apresentado, Sr. Henrique, produtor de gado da raça Nelore, vem observando uma queda na produtividade e também um aumento no número de natimortos em seu rebanho. Sendo você o representante da ProdGen, empresa de consultoria em melhoramento genético contratada para solucionar esta questão, qual hipótese poderia ser levantada para justificar a queda na produção e o elevado número de natimortos? O que pode ser sugerido como medidas para reverter estes problemas?

Você pode indicar que a produção de raças puras pode resultar em excessivos cruzamentos endogâmicos que, por consequência, podem elevar o número de animais homozigotos no rebanho. Além disso, pode dizer que muitas das anomalias genéticas, responsáveis por má formação, distúrbios reprodutivos e até mesmo a morte da progênie, são causadas por genótipos homozigotos, que também podem resultar na perda de alelos responsáveis pela expressão de características economicamente interessantes. Portanto, você poderia sugerir, para a solução destes problemas na fazenda, a utilização de inseminação artificial com sêmen de reprodutores selecionados e atestados para o pedigree de fontes externas, o que auxiliaria no aumento da variabilidade genética do rebanho, além de aprimorar as características de interesse, no caso, a qualidade da carcaça. Você também poderia sugerir outras técnicas, como a transferência de embriões, entretanto, tenha sempre em mente que para o produtor é muito importante minimizar custos e maximizar a produção!

Quero mais leite!

Descrição da situação-problema

Carmem possui um sítio onde cria vacas da raça Holandesa para a produção de leite. Todo o leite produzido é vendido para laticínios da região. Entretanto, Carmem quer investir na construção de um minilaticínio em sua propriedade para a produção de derivados do leite, como requeijão, queijo e doce de leite, pois quer criar sua própria marca de produtos derivados do leite. Para este sonho se tornar realidade, Carmem buscou ajuda de uma instituição especialista em administração de negócios empresariais e os resultados da consultoria apontam que a produção de leite teria que ser 40% maior para atender à demanda para a fabricação de todos os produtos em quantidade mínima para lançamento e manutenção no mercado comercial. Sendo assim, Carmem precisa aumentar seu rebanho e garantir que as novas vacas continuem a ter uma boa produção de leite, como já é observado nas vacas atuais. Qual biotécnica pode ser utilizada no rebanho da Sra. Carmem para que os objetivos sejam alcançados?

Resolução da situação-problema

Carmem pode optar pela transferência de embriões, uma técnica que garante o nascimento de animais fêmeas devido à prévia sexagem realizada, e com a garantia de possuírem os alelos importantes para a alta produção e boa qualidade de leite. Outra solução seria a inseminação artificial com sêmen de reprodutores selecionados para a característica produção de leite e com análise de sexagem para garantir o nascimento de fêmeas, o que garantirá o aumento do rebanho e manterá a quantidade e a qualidade do produto produzido.

Faça valer a pena

1.

A técnica de inseminação artificial de tempo fixo oferece uma excelente oportunidade de aumento da lucratividade na propriedade porque possibilita, a melhoria dos índices reprodutivos, o aumento do número de bezerros nascidos, entre outros. Com isso, é possível realizar todo o processo de inseminação rápida e organizadamente, também melhorando o manejo das pastagens e racionalizando o uso da mão de obra e das instalações (GERAEMBRYO, 2018).

A IATF é uma técnica que possibilita a _____ da ovulação das fêmeas após a administração de _____ em dias predeterminados. Há também uma

diminuição no intervalo entre	e a possibilidade de uso de
de touros selecionados eleva o potencial	da progênie.

Assinale a alternativa que preencha corretamente as lacunas apresentadas:

- a) Sincronização; hormônios; partos; sêmen; genético.
- b) Estimulação; hormônios; cios; sêmen; genético.
- c) Sincronização; esteroides; partos; reprodutivo; genético.
- d) Estimulação; esteroides; cios; genético; reprodutivo.
- e) Sincronização; hormônios; partos; reprodutivo; genético.
- **2.** Os marcadores moleculares são sequências de nucleotídeos presentes no DNA e, portanto, herdáveis, sendo que suas características mendelianas permitem o acompanhamento de sua segregação na população.

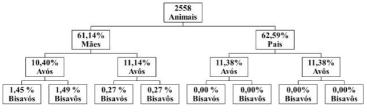
Leia atentamente as assertivas a seguir sobre marcadores moleculares:

- I Possibilita a definição do genótipo prévio à observação do fenótipo expresso.
- II Possibilita a determinação do potencial genético ainda em fase embrionária.
- III Alguns marcadores auxiliam na identificação de características polimórficas.
- IV Os microssatélites são marcadores moleculares poligênicos.
- V Polimorfismos de sítio único (SNPs) são alterações de nucleotídeos pontuais no DNA.

Assinale a alternativa que contenha apenas as assertivas corretas.

- f) Apenas as assertivas I, II e III estão corretas.
- g) Apenas as assertivas II, III e IV estão corretas.
- h) Apenas as assertivas I, III e V estão corretas.
- i) Apenas as assertivas I, II, III e V estão corretas.
- j) Apenas as assertivas II, III, IV e V estão corretas.
- **3.** A utilização de acasalamentos dirigidos num rebanho necessita, dentre outras, de informações quanto ao grau de parentesco entre os indivíduos, caracterizando uma análise de genealogia (ou pedigree).

Figura 3.3 | Estrutura do pedigree de bovinos da raca Gir Mocha no Nordeste do Brasil



Fonte: Muniz et al. (2012, p. 1660).

Observando a figura e considerado as análises de genealogia, leia com atenção as assertivas a seguir:

- I Considerando a média, apenas 61,9% da primeira geração possui pedigree.
- II Há uma considerável perda de informação do pedigree da primeira para a segunda geração.
- III A figura reflete a deficiência ainda existente quanto ao registro genealógico dos rebanhos.
- IV A análise de pedigree se refere apenas ao rastreamento para certificação de pureza de raças.
- V A ausência de informação na terceira geração não prejudica a análise de pedigree.

Assinale a alternativa que contenha apenas as assertivas corretas:

- a) Apenas as assertivas I, III, IV e V estão corretas.
- b) Apenas as assertivas I, II e IV estão corretas.
- c) Apenas as assertivas I, II e III estão corretas.
- d) Apenas as assertivas II, III e V estão corretas.
- e) Apenas as assertivas I, II, III e V estão corretas.

ANDRADE, R. O. Raízes da genética no Brasil. **Pesquisa FAPESP**. Ed. 247, 2016. Disponível em: http://revistapesquisa.fapesp.br/2016/09/23/raizes-da-genetica-no-brasil/. Acesso em: 23 out. 2018.

BEEFPOINT. Importância da ambiência na produção de bovinos de corte frente às mudanças climáticas. 2009. Disponível em: https://www.beefpoint.com.br/importancia-da-ambiencia-nat-producao-de-bovinos-de-corte-frente-as-mudancas-climaticas-54543/. Acesso em: 25 nov. 2018.

BRASIL. Ministério da Saúde. Organização Pan-Americana da Saúde. Ministério da Ciência e Tecnologia. Caracterização do Estado da Arte em Biotecnologia Marinha no Brasil. Brasília: Ministério da Saúde, 2010. 134 p. Disponível em: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/caracterizacao_estado_arte_biotecnologia_marinha.pdf. Acesso em: 17 nov. 2018.

BRITO, F. V. et al. A biotecnologia no melhoramento genético animal. Publicado em: 26 dez. 2006. Disponível em: https://www.beefpoint.com.br/a-biotecnologia-no-melhoramento-genetico-animal-33237>. Acesso em: 23 out. 2018.

COLOMBO, A. H. B. *et al.* Avaliação de biotécnicas da reprodução sob o foco ambiental. **Archives of Veterinary Science**. v. 22, p. 81-89, 2017. Disponível em: https://revistas.ufpr.br/veterinary/article/view/50814/32828. Acesso em: 16 nov. 2018.

COUTINHO, L. L. *et al.* Biotecnologia animal. **Estudos Avançados**. v. 24, p. 123-147, 2010. Disponível em: http://www.scielo.br/pdf/ea/v24n70/a09v2470.pdf. Acesso em: 15 nov. 2018.

DUNLOP, A. A. Interactions between heredity and environment in the Australian Merino. I. Strain x location interactions in wool traits. **Australian Journal of Agricultural Research**. v. 13, n. 6, p. 503-531, 1962.

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil**: Fundamentos, história e importância. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 1999. Disponível em: https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/handle/doc/323391. Acesso em: 23 out. 2018.

FACÓ, O. Importância do teste de progênie de reprodutores caprinos leiteiros. Disponível em: https://www.milkpoint.com.br/artigos/producao/importancia-do-teste-de-progenie-de-reprodutores-caprinos-leiteiros-33128n.aspx. Acesso em: 7 nov. 2018.

GERAEMBRYO. IATF – I**nseminação artificial de tempo fixo.** Disponível em: http://www.geraembryo.com.br/iatf. Acesso em: 18 nov. 2018.

GIMENES, L. U. et al. The interval between the emergence of pharmacologically synchronized ovarian follicular waves and ovum pickup does not significantly affect *in vitro* embryo production in *Bos indicus*, *Bos taurus*, and *Bubalus bubalis*. **Theriogenology**, Amsterdam, v. 83, n. 3, p. 385-393, 2015.

GLASER, F. D. Aspectos comportamentais de bovinos das raças Angus, Caracu e Nelore a

pasto frente à disponibilidade de recursos de sombra e água para imersão. Pirassununga, 2008. 117 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo. Disponível em: http://www.teses.usp.br/teses/disponio veis/74/74131/tde-25032008-152804/pt-br.php. Acesso em: 25 nov. 2018.

GUPTA, A. K. Origin of agriculture and domestication of plants and animals linked to early Holocene climate amelioration. **Current Science**. v. 87, p. 54-59, 2004. Disponível em: http://repository.ias.ac.in/21961/1/333.pdf. Acesso em: 13 nov. 2018.

GUSMÃO, A. O. M. *et al.* A biotecnologia e os avanços da sociedade. **Biodiversidade**. v. 16, n. 1, p. 135-154, 2017. Disponível em: http://www.periodicoscientificos.ufmt.br/ojs/index.php/biodiversidade/article/view/4979/3357. Acesso em: 16 nov. 2018.

LOPES, P. S. Teoria do melhoramento animal. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2005, 118 p.

MUNIZ, L. M. S. *et al.* A raça Gir Mocha na região Nordeste do Brasil: estrutura genética populacional via análise de pedigree. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia.** v. 64, p. 1656-1664, 2012. Disponível em: http://www.scielo.br/pdf/abmvz/v64n6/35.pdf. Acesso em: 18 nov. 2018.

NEVES, J. P. *et al.* Progresso científico em reprodução na primeira década do século XXI. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v. 39, p. 414-421, 2010. Disponível em; https://www.resear-chgate.net/profile/Jairo_Neves/publication/262647247_Scientific_progress_in_reproduction_research_during_the_first_decade_of_XXI_century/links/00b7d52a9cd9149e37000000.pdf. Acesso em: 15 nov. 2018.

PEREIRA, J. C. C. Melhoramento genético aplicado à produção animal. 5. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008, 617 p.

RON, M. *et al.* Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implications for genetic improvement. **Journal of Dairy Science**. v. 79, p. 676-681, 1996.

SANTOS, V. S. Interação gênica. Mundo Educação. Disponível em: https://mundoeducacao.bol.uol.com.br/biologia/interacao-genica.htm. Acesso em: 31 out. 2018.

SILVA, J. C. Teste de progênie: Ferramenta de melhoramento genético e avaliação/seleção de reprodutores Gir leiteiro. **Revista Olhar Científico**. v. 1, n. 2, p. 351-368, 2010. Disponível em: http://www.olharcientifico.kinghost.net/index.php/olhar/article/view/51/46. Acesso em: 25 nov. 2018.

SIMPLICIO, A. A. *et al.* Biotécnicas da reprodução como técnicas de manejo reprodutivo em ovinos. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**. v. 31, n. 2, p. 234-246, 2007. Disponível em: https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/532668/1/ APIBiotecnicasdereproducao.pdf. Acesso em: 15 nov. 2018.

SOARES, G. **Efeitos colaterais da genética de alta produção**. Publicado em: 21 nov. 2016. Disponível em: https://www.agron.com.br/publicacoes/informacoes/

 $artigos\text{-}tecnicos/2016/11/27/051445/efeitos\text{-}colaterais\text{-}da\text{-}genetica\text{-}de\text{-}alta\text{-}producao\text{.}html.}$ Acesso em: 25 nov. 2018.

VERNEQUE, R. S. *et al.* Avaliação Genética de Touros pelo Modelo Animal, Modelo Touro e Método das Companheiras de Rebanho. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v. 28, p. 304-312, 1999. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1516-35981999000200013&script=sci_abstract&tlng=pt. Acesso em: 25 nov. 2018.

VISINTIN, J. A. *et al.* Biotecnologias da reprodução animal: Clonagem e transgenia animal. Ciência Veterinária nos Trópicos. v. 11, p. 139-144, 2008. Disponível em: http://www.rcvt.org.br/suplemento11/139-144.pdf. Acesso em: 16 nov. 2018.

WATSON, J. D.; CRICK, F. H. C. Molecular Structure of deoxypentose nucleic acids. **Nature**. v. 171, p. 738, 1953. Disponível em: http://www.sns.ias.edu/~tlusty/courses/landmark/WatsonCrick1953. pdf. Acesso em: 15 nov. 2018.

Unidade 4

Melhoramento genético de animais de interesse zootécnico

Convite ao estudo

Caro aluno! Os programas de melhoramento genético de animais podem ser construídos de diversas formas, ou seja, podem utilizar diferentes ferramentas. Entretanto, há um objetivo em comum em todos eles: estimar valores genéticos por meio da avaliação de características de interesse e, a partir disso, selecionar os animais superiores para a reprodução e formação dos rebanhos, alcançando aumento na produção e qualidade do produto.

Você já aprendeu diversos conceitos, entre eles as principais ferramentas utilizadas para a avaliação das características fenotípicas, como o genótipo e o meio que atuam sobre a expressão do fenótipo, e também práticas em reprodução que podem auxiliar no melhoramento dos animais.

Agora, é hora de colocar em prática esses aprendizados, além de conhecer novos assuntos, pois, à medida que aumenta a demanda por eficiência produtiva dos animais, é também maior a necessidade de programas de melhoramento genético bem estruturados, com eficiente sistema de coleta de dados e objetivos bem definidos, além de considerar as diferentes condições de ambiente existentes.

Portanto, para um programa de melhoramento genético animal de sucesso, é necessário que estejam bem definidos os objetivos e as metas condizentes com o mercado vigente e com as condições de ambiente geral. Com relação a esse aspecto, muitos produtores procuram assessoria técnica de empresas especializadas em melhoramento genético animal, como a MGA - Tecnologia em Melhoramento Genético Animal, da qual você faz parte da equipe técnica e que enfrentará situações dos seus clientes relacionadas à genética, as quais demandarão que você aplique toda a sua expertise profissional nessa área.

Em uma mesma semana de trabalho, três produtores procuraram pela empresa para obter orientação profissional, sendo o Sr. Hélio, produtor de gado de leite; a Sra. Alice, produtora de gado de corte; e o Sr. Antônio, produtor de suínos e que quer iniciar a produção de frangos de corte. Será possível criar um programa único que atenda às características de cada espécie, obtendo os mesmos resultados em produtividade?

A ampla possibilidade de aplicação das técnicas em melhoramento animal e as particularidades genéticas para a produção de cada espécie conferem a esta área de conhecimento dinamismo e versatilidade e, nesta unidade, você aprenderá sobre os diferentes programas de melhoramento genético para animais de interesse zootécnico (bovinos leiteiro e de corte, suínos e aves), seus desafios e contribuições para o setor de produção de alimentos e demais produtos de origem animal.

Esteja preparado para testar seus conhecimentos sobre melhoramento genético animal para ajudar os clientes que contrataram sua empresa.

Bom trabalho!

Melhoramento de bovino leiteiro

Diálogo aberto

Prezado aluno, a partir de agora, você começará a juntar as peças que formam este complexo quebra-cabeça chamado melhoramento genético animal. Quando se inicia um processo de seleção, diferentes características podem compor o processo, auxiliando em uma identificação mais acurada de reprodutores e matrizes para a geração de progênie com maior rendimento produtivo.

Você se recorda que o Sr. Hélio foi um dos produtores a procurar pela consultoria da empresa MGA? Criador de gado leiteiro, ele almeja pelo aprimoramento do processo de seleção de animais para que seus lucros possam crescer, em decorrência do aumento da produção resultante dessa seleção. Atualmente, em sua fazenda, é realizada a seleção pelo tipo, em que a característica selecionada está relacionada à conformação do úbere. Como você aprimoraria a estratégia de melhoramento realizada na fazenda do Sr. Hélio para a seleção de animais com melhores qualidades para a produção de leite?

Nesta seção, você verá que é possível integrar características fenotípicas (características de tipo) e genéticas para o delineamento e aprimoramento de programas de melhoramento genético, além de tomada de decisões para futuros processos de seleção.

Preparado para este novo desafio? Ótimos estudos!

Não pode faltar

Você já parou para pensar sobre como os animais eram selecionados antes do desenvolvimento da genética? Há centenas de anos, a escolha dos animais de produção era feita baseada na aparência deles. Essa prática é utilizada até hoje, pois as características fenotípicas externas propiciam o estabelecimento dos padrões raciais. E, para preservar e melhorar essas características, foram criados os registros genealógicos pelas associações de raças.

A seleção por características de estética racial tem sido priorizada, especialmente, por criadores de gado leiteiro puro, estimulados pelas exposições de animais, em que os critérios de avaliação da conformação linear (ou seja, das características estéticas raciais, ou ainda, das características do tipo) predominam sobre as características funcionais e econômicas.

Além disso, as características lineares, também conhecidas como características do tipo, estão diretamente relacionadas a fatores, como conversão alimentar, desempenho reprodutivo e sanitário, e até mesmo na produção, sendo divididos em três grupos: i) características corporais, que podem afetar a saúde do úbere (glândulas mamárias), as capacidades de parto, cardíaca, pulmonar e digestiva; ii) características do conjunto de pernas e pés, que comprometem a locomoção, a expressão do estro e, portanto, a reprodução; e iii) características do sistema mamário, que dificultam na ordenha mecânica e influenciam no desenvolvimento de mastites (saúde do úbere) e, consequentemente, na produção de leite.



Assimile

O grau de associação entre características de tipo e de produção de leite é indicado por meio de correlações genéticas e funciona da seguinte forma: se a correlação entre as características de tipo e de produção for alta e positiva, significa que a seleção de apenas uma delas resultará no melhoramento da outra. Caso a correlação seja negativa ou nula, a seleção de apenas uma das características pode acarretar em prejuízo para a outra, ou simplesmente pode não ocorrer nenhum tipo de modificação.

As características do tipo podem estar associadas entre si, e a forma de identificar essa associação é por meio da análise de correlação genética. Esta significa uma correlação entre os efeitos genéticos aditivos dos genes que influenciam determinada característica. São consideradas baixas as correlações até 0,3, enquanto que aquelas entre 0,3 e 0,6 são consideradas moderadas, e acima de 0,6 são elevadas. Esse tipo de correlação pode ser causado por pleiotropia ou por ligação gênica.

Você se lembra do que é pleiotropia? É quando um gene interfere na expressão de outro gene, mesmo que em cromossomo diferente. Já a ligação gênica é determinada pelo posicionamento dos genes nos cromossomos. Quando dois genes que se localizam em um mesmo cromossomo e se encontram bastante próximos, a segregação durante a meiose para a formação dos gametas não ocorre de forma independente, ou seja, os genes migrarão sempre juntos. Agora, se os genes se localizam distantes um do outro, a segregação ocorrerá de forma independente, ou seja, os genes podem ou não constituírem o genótipo de um gameta.

Você deve estar se perguntando: se os genes estão no mesmo cromossomo, como podem segregar independentemente? Para responder a isso, vamos recordar um evento chamado de *crossing over*. Ele ocorre durante a meiose I da divisão celular, quando os cromossomos homólogos aproximam seus braços a ponto de ocorrer a permuta cromossômica, ou seja, a troca de fragmentos das cromátides entre os cromossomos homólogos. Esse intercâmbio de genes é responsável pelo aumento da taxa de recombinação gênica, elevando a variabilidade genética. Isso explica, em partes, porque a seleção para uma determinada característica pode resultar em modificação de outra quando estão geneticamente relacionadas.



Exemplificando

Uma das formas de identificar a ocorrência de ligação gênica é por meio da análise de QTL (do inglês, *Quantitative Trait Loci*). A análise de QTL identifica marcadores moleculares distribuídos no genoma, que correspondem a regiões cromossômicas envolvidas na variação fenotípica de uma dada característica. Um exemplo dessa estratégia em bovinos leiteiros é a identificação de um marcador molecular para a mieloencefalia degenerativa, presente no cromossomo 4 da raça Pardo-Suíça.

Por sua vez, se a associação entre duas características pode ser observada de forma direta, temos uma correlação fenotípica, a qual representa a correlação entre os valores fenotípicos e, portanto, é resultante dos efeitos genótipo e ambiente.

Conhecer as correlações genéticas e fenotípicas entre as características do tipo, de produção, de reprodução, sanitárias e de longevidade propicia um melhor planejamento de programas de melhoramento, pois a escolha apenas de características com elevadas correlações pode ser utilizada nos sistemas de classificação do tipo, tornando-os mais objetivos.

Em adição, de acordo com Pereira (2008), a avaliação das características do tipo é elencada por meio de escores, e alguns fatores podem resultar em variações, como:

- Classificador, cujas variações são decorrentes da pontuação dada aos animais por cada inspetor.
- Idade do animal, devido às modificações morfofisiológicas que alteram as características do tipo conforme a idade.
- Estação do ano, devido a algumas características diferirem de acordo com a estação (por exemplo, o úbere posterior, que apresenta escores mais altos durante a primavera).
- Estágio de lactação, que apresenta escores mais altos no início e no final da lactação.

 Rebanho e reprodutor, em que as diferenças devido ao rebanho estão relacionadas ao manejo, à nutrição e composição genética da população, enquanto as diferenças devido ao reprodutor são de natureza genética.

Você se lembra que as características econômicas dos animais de produção são poligênicas, ou seja, são determinadas por um grande número de genes, e que a expressão do fenótipo depende da constituição genética do animal e do meio no qual ele vive. Lembra-se também de que as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são dadas em termos de variância, e que a herdabilidade e as correlações genéticas são importantes para uma avaliação de touros e a elaboração dos índices de seleção com maior eficácia. Cabe também lembrar que, quanto mais elevado o valor da herdabilidade, maior será o valor genético para um dado fenótipo no indivíduo.

A herdabilidade das características de tipo em gado leiteiro, apesar das grandes variações entre raças, determina sua potencial utilidade para os programas de melhoramento animal. Alguns trabalhos estimaram a herdabilidade para características corporais da raça Gir, como altura da garupa (h^2 =0,37), circunferência torácica (h^2 =0,23) e comprimento corporal (h^2 =0,11) (WENCESLAU et al., 2000), e para as características do sistema mamário, também na raça Gir, cujos valores de herdabilidade para a altura do úbere foi 0,47; o comprimento das tetas, 0,40; e o diâmetro das tetas, 0,21 (TEODORO et al., 2000).

Demais características do tipo da raça Holandesa foram avaliadas quanto à herdabilidade e estão expostas na Tabela 4.1.

Tabela 4.1 | Valores estimados de herdabilidade e seus respectivos erros-padrão (EP) das características do tipo da raça bovina Holandesa

Características	$h^2 \pm EP$	Amplitude
Estatura	$0,53 \pm 0,11$	0,51-0,58
Nivelamento da linha superior	$0,25 \pm 0,06$	0,24-0,27
Tamanho	0.33 ± 0.09	0,32-0,39
Largura torácica	0.17 ± 0.06	0,17-0,19
Profundidade corporal	$0,36 \pm 0,09$	0,35-0,38
Força lombar	0.34 ± 0.07	0,34-0,37
Nivelamento da garupa	$0,35 \pm 0,07$	0,34-0,38
Largura da garupa	$0,36 \pm 0,09$	0,36-0,39
Ângulo do casco	0.21 ± 0.08	0,20-0,23
Qualidade óssea	$0,32 \pm 0,07$	0,31-0,34
Vista lateral das pernas	$0,32 \pm 0,09$	0,31-0,34
Inserção do úbere anterior	0.33 ± 0.09	0,31-0,36

Características	$h^2 \pm EP$	Amplitude
Colocação das tetas anteriores	0.44 ± 0.09	0,43-0,46
Comprimento das tetas	0.59 ± 0.07	0,58-0,61
Altura do úbere posterior	0.28 ± 0.11	0,22-0,31
Largura do úbere posterior	0.19 ± 0.07	0,19-0,24
Colocação das tetas posteriores	0.16 ± 0.07	0,15-0,18
Profundidade do úbere	0.16 ± 0.08	0,14-0,23
Textura do úbere	0.29 ± 0.06	0,29-0,31
Ligamento suspensório mediano	0.25 ± 0.08	0,25-0,27
Angulosidade	$0,43 \pm 0,10$	0,42-0,47
Pontuação final	$0,55 \pm 0,07$	0,51-0,57

Fonte: Pereira (2008, p. 390).

Note que o valor estimado para a pontuação final (conjunto de todas as características) sugere a possibilidade de sua inclusão em índices para a seleção dos animais, possibilitando ganhos para as características de úbere, os quais, perante os valores apresentados na tabela, constituem 40% do valor da pontuação final.

Outra associação empregada para as características do tipo é a longevidade das fêmeas de bovino leiteiro. A longevidade, também chamada de vida produtiva, consiste no intervalo de tempo entre o primeiro parto e o descarte do animal do rebanho. Esse intervalo pode ser dado em dias, meses, anos ou mesmo lactações. Ela é uma característica complexa e que sofre influência de uma série de fatores, como produção de leite, fertilidade, saúde, e também das características físicas do animal, as quais são registradas a partir da primeira lactação. As características morfológicas do sistema mamário são as que apresentam maior correlação genética com a longevidade. Portanto, a seleção de características morfológicas auxilia na redução do descarte do rebanho, por aprimorar a saúde, a reprodução e a produção dos animais. Reduzindo a taxa de descarte, consequentemente, reduzem-se também as perdas econômicas pelos produtores, devido aos custos com a reposição de fêmeas. Fêmeas que apresentam elevada produção de leite nas primeiras lactações e que permanecem funcionais por um longo período elevam a rentabilidade do sistema de produção.

Há anos a longevidade é sugerida para inclusão em programas de melhoramento animal por apresentar as seguintes vantagens: a) redução do custo por substituições; b) aumento da média de produção do rebanho; e c) aumento das possibilidades de seleção e eliminação. Entretanto, há também algumas desvantagens na utilização da longevidade, como a qualidade do leite que

decai quando extraído de animais mais velhos, assim como há um aumento na incidência de doenças e a diminuição da fertilidade com o aumento da idade.



Reflita

É fácil compreender que, quanto mais tempo uma vaca é mantida no rebanho, maior será a lucratividade do produtor, pois, computando os custos envolvidos para que ocorra a prenhez, o parto e o desenvolvimento do animal até a fase adulta (quando se torna produtivo), quanto maior o número de lactações, maior será a diluição dos gastos. Porém, considerando os aspectos negativos da longevidade apresentados no texto, será este fator aplicável a todos os tipos de rebanhos e sistemas de produção?

Você diria que a longevidade é uma característica herdável? Ela apresenta um potencial de transmissão de apenas 0,06, sendo assim, a herdabilidade é bastante baixa. Isso aponta para o manejo como seu principal influenciador, sendo, mais especificamente, a nutrição o seu principal componente. Por sua vez, a nutrição do animal pode ser afetada por problemas de saúde, como: edema de úbere, febre do leite, cetose, deslocamento do abomaso, entre outros.

Como você pode perceber, há várias características que podem ser utilizadas nos índices de seleção, mas, independentemente disso, é de grande importância o acompanhamento da evolução genética no grupo de animais para garantir a confiabilidade do processo de seleção. A avaliação genética objetiva predizer o mérito genético dos animais reprodutores, ou seja, a capacidade do reprodutor em transmitir a característica para a progênie. Em gado leiteiro, o resultado é expresso como a habilidade prevista de transmissão (PTA), correspondendo à metade do valor genético do animal, uma vez que metade da constituição genética do indivíduo é transmitida pela mãe, e a segunda metade, pelo pai.

O estudo de tendência genética é uma das formas de se avaliar a evolução genética das características sob seleção, ao longo dos anos, e é realizada por meio da regressão linear das médias dos valores genéticos dos animais, em função do ano de nascimento ou de parto das vacas. O uso do ano de nascimento reflete sobre a contribuição dos reprodutores para o processo de seleção, enquanto que o ano do parto reflete sobre o valor genético médio dos animais utilizados para produzir as futuras progênies.

Além disso, a estimativa da tendência genética propicia a avaliação da eficiência dos programas de melhoramento animal, auxiliando em decisões para a continuidade do programa e na escolha, com maior eficácia, de

reprodutores. Para o entendimento ficar mais fácil, vamos a um exemplo. Supondo que o registro de lactações de vacas de uma dada raça resulte em uma predição de tendência genética para a característica produção de leite em 0,8 kg/ano, pode-se concluir que esse baixo valor indica que o processo de seleção para o rebanho está sendo realizado de forma ineficiente (diferente de uma tendência genética estimada em 18,4 kg/ano).



Pesquise mais

A análise de tendência genética utiliza grande volume de dados, requerendo o uso de recursos computacionais e de programas estatísticos, especialmente pelo uso de modelos mistos para a predição dos valores genéticos, como o modelo animal e o BLUP. Utilizando um enfoque bayesiano para inferências sobre as características desejadas, o amostrador de Gibbs prediz o valor genético do animal por meio de processos sucessivos de integração entre os efeitos físicos e aleatórios. O item 2.5.1, descrito na página 25 do texto citado a seguir, detalha essa análise, propiciando a você o conhecimento de novas possibilidades de uso dos modelos estatísticos.

BRCKO, C. C. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e idade ao primeiro parto em vacas da raça Pardo-Suíça utilizando amostrador de Gibbs. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) — Universidade Federal do Pará. Belém-PA, 2008. Disponível em: http://www.cienciaanimal.ufpa.br/pdfs/CA_Ciencia_Animal/CA_Carolina_Carvalho_Brcko.pdf>. Acesso em: 30 nov. 2018.

Vamos acompanhar um estudo realizado por Santana Júnior et al. (2013), para compreendermos melhor como uma análise de tendência genética pode ser conduzida. Para avaliar os parâmetros genéticos de touros e vacas para características reprodutivas, os autores coletaram informações quanto ao volume e aos aspectos físico-morfológicos do sêmen; às medidas do perímetro escrotal de touros da raça Gir; e à idade ao primeiro parto de vacas da mesma raça. Foram calculadas as correlações entre: características do sêmen e idade ao primeiro parto; e perímetro escrotal e idade ao primeiro parto, enquanto que a análise dos efeitos não genéticos foi conduzida por meio do método dos quadrados mínimos. Para essa análise, os pesquisadores utilizaram a ferramenta GLM, disponibilizada pelo programa de análises estatísticas SAS. Cabe ressaltar que as análises foram realizadas seguindo o modelo animal. Os componentes de covariância utilizados na estimativa dos parâmetros genéticos foram obtidos por meio do método de máxima verossimilhança restrita, utilizando o aplicativo REMLF90, e a tendência

genética para a característica idade ao primeiro parto foi estimada por meio de regressão linear, utilizando a ferramenta REG, também disponibilizada pelo programa de análises estatísticas SAS.

Como resultados, os autores observaram pequena magnitude na correlação entre as características avaliadas. A observação de favorável correlação entre a característica perímetro escrotal e a idade ao primeiro parto possibilita a inclusão dos dados do perímetro escrotal como critério de seleção para melhorar a eficiência reprodutiva das fêmeas. Isso se deve ao fato de a idade ao primeiro parto estar relacionada à puberdade, à taxa de crescimento e ao início da vida reprodutiva, ou seja, características que indicam animais de maior longevidade e, consequentemente, de maior importância para a composição dos rebanhos leiteiros. Quanto à tendência genética, os resultados mostraram ganho de 0,018 kg/ano, o que significa que não houve progresso genético para a característica produção de leite durante o período do estudo.

Como podemos ver, são extensas as possibilidades de características que podem ser utilizadas para processos de seleção animal, e o desenvolvimento de programas para as análises estatísticas permitem a avaliação de um grande número de animais, o que aprimora a acurácia dos resultados e, consequentemente, a própria seleção e os resultados sobre a produtividade.

Sem medo de errar

Olá! Vamos auxiliar o Sr. Hélio a aprimorar o processo de seleção para a característica produção de leite em seu gado. Em sua propriedade, essa seleção ocorre apenas pelas características do tipo relacionadas ao úbere. Como você, que trabalha na equipe técnica da MGA, aprimoraria a estratégia de melhoramento realizada na fazenda do Sr. Hélio, para que a seleção de animais resulte em melhor e maior produção de leite?

Você deve dizer ao Sr. Hélio que as características relacionadas ao úbere são importantes para a produção de leite e, portanto, selecionando-se para essa característica, podem ser obtidos bons resultados quanto à produção. Entretanto, outras características, como angulosidade, comprimento e colocação das tetas, podem ser adicionadas para compor o índice de seleção do rebanho de vacas do produtor. Além disso, você não pode esquecer da importância dos touros no melhoramento do rebanho. Sendo assim, é necessário também que, caso o Sr. Hélio possua seus próprios touros, que estes sejam avaliados para características, como o perímetro escrotal. Caso seja realizada inseminação artificial das vacas, processo este mais indicado por gerar menor custo em relação à criação de touros, é necessária a compra de

sêmen de animais conhecidamente superiores para a característica produção de leite, ou seja, de animais que apresentem suficientes valores de PTA (habilidade de transmissão da característica para a progênie fêmea).

Avançando na prática

Gado longa vida

Descrição da situação-problema

Ao participar de uma reunião de pequenos produtores de gado leiteiro, você conheceu a Sra. Matilde, que possui um pequeno rebanho composto por 10 vacas. Ela gostaria de aumentar o número de animais, porém os custos gerados com a reposição de vacas devido à pequena taxa de longevidade apresentada por seu rebanho dificultam o investimento. Sabendo que a característica longevidade apresenta baixa herdabilidade, o que você poderia sugerir para a Sra. Matilde para elevar essa característica em seu rebanho?

Resolução da situação-problema

Para que a Sra. Matilde possa aprimorar a longevidade de seus animais e, consequentemente, minimizar os custos devido à reposição, possibilitando o investimento no aumento do rebanho, é necessária uma maior atenção para o fator manejo. Você pode dizer à produtora que a característica longevidade apresenta baixo valor de herdabilidade, portanto pode-se concluir que o manejo é um importante fator para essa característica. Assim, você pode sugerir para a Sra. Matilde que seja revisada a nutrição dos animais, alterando o tipo de pastagem e de volumoso, além de realizar um controle sanitário, em caso de observação de doenças que possam prejudicar a alimentação do animal, como edema de úbere, febre do leite, cetose, deslocamento do abomaso, etc.

Faça valer a pena

1.

Além dos pontos desejados, o produtor não deve descuidar da seleção para características raciais e o tipo funcional, observando sempre úbere bem aderido, tetas curtas, pernas e pés com ângulos corretos e, finalmente, uma boa capacidade corporal, para garantir a ingestão de forragem, visando à produção econômica

de leite. Observar, também, os índices reprodutivos e produtivos como idade ao primeiro parto, intervalo entre partos, período seco, porcentagem e produção de gordura. (TEIXEIRA, 2018, [s.p.])

Considerando as características do tipo para bovinos leiteiros, leia atentamente as assertivas que seguem:

- São características relacionadas diretamente a fatores, como produção e conversão alimentar.
- II. As características do tipo são divididas em: características corporais; do conjunto de pernas e pés; e do sistema mamário.
- III. A análise de correção genética não indica a associação entre características do tipo de produção de leite.
- IV. Os fatores idade do animal e estação do ano não alteram as características do tipo.V. Não há grande variação das características do tipo entre as diferentes raças de gado leiteiro.

Assinale a alternativa correta.

- a) Apenas as assertivas I e II estão corretas.
- b) Apenas as assertivas I, II e III estão corretas.
- c) Apenas as assertivas II e IV estão corretas.
- d) Apenas as assertivas III e V estão corretas.
- e) Apenas as assertivas I, II e IV estão corretas.

2.

A baixa produtividade é o grande problema dos produtores que esperam rentabilidade e lucro na atividade leiteira. Porém, antes de qualquer decisão drástica, é necessário analisar o sistema e verificar como ele está planejado. Alguns problemas como construções e instalações malfeitas, raças e cruzamento de animais inadequados ao sistema de produção, nutrição precária, entre outros fatores, interferem diretamente no desempenho da propriedade. (TEIXEIRA, 2018, [s.p.])

Uma das causas para a observação de baixa produtividade no gado leiteiro é a
, também conhecida como a vida produtiva do animal, e que consiste no
intervalo de tempo entre o e o do animal do rebanho. Esse
intervalo pode ser dado em dias, meses, anos ou mesmo

Sobre esse assunto, leia, atentamente, o texto a seguir:

Assinale a alternativa que preenche corretamente as lacunas.

- a) herdabilidade; primeiro parto; descarte; lactações.
- b) longevidade; primeiro parto; descarte; estações.
- c) herdabilidade; cruzamento; primeiro parto; estações.
- d) longevidade; primeiro parto; descarte; lactações.
- e) longevidade; cruzamento; primeiro parto; lactações.
- **3.** "No entanto, à medida que a eficiência se torna um componente de fundamental importância no sistema de produção, faz-se necessário avaliar o progresso que vem sendo alcançado ao longo do tempo. O monitoramento do progresso genético realizado deve ser uma preocupação de toda e qualquer raça" (EUCLIDES FILHO et al., 2000, p. 788).

Considerando a análise de tendência genética, leia as assertivas a seguir:

- () A tendência genética pode ser realizada utilizando-se dados do ano do nascimento ou do ano de parto das vacas.
- () A tendência genética é calculada por meio de análise de regressão das médias dos valores genéticos dos animais.
- () A tendência genética compromete a eficiência dos programas de melhoramento animal.
- () A tendência genética é irrelevante na escolha dos melhores reprodutores, pois é uma análise aplicada apenas para as fêmeas.
- () Dados de registro de lactações também podem ser utilizados para a estimativa da tendência genética.

Julgue as assertivas como verdadeiras ou falsas e assinale a alternativa que apresenta a sequência correta.

- a) V V F F F.
- b) V V F F V.
- c) F V V F V.
- d) V F V V V.
- e) V F F F F.

Melhoramento de bovino de corte

Diálogo aberto

Prezado aluno, falamos bastante sobre a preocupação mundial para um aumento da produção de alimento que consiga atender a uma população cada vez maior e mais exigente. Porém, é crescente também a preocupação com o bem-estar dos animais de produção. Isso se deve não apenas ao respeito que merecem essas vidas, mas ao fato de que animais bem nutridos, com manejo correto (ou seja, que provoque o menor estresse e injúrias possíveis) e cujo ambiente respeite suas necessidades fisiológicas básicas, como água e sombra, apresentarão maior produtividade e menor custo, por exemplo, com medicamentos. Junto a isso, um eficiente sistema de cruzamentos complementa esse ganho na produtividade, auxiliando na formação de um rebanho com melhores animais.

Neste interesse em melhorar o rebanho, a Sra. Alice, uma promissora produtora de gado de corte, solicitou os serviços em melhoramento da empresa MGA, para a qual você trabalha. O motivo que a levou a realizar essa contratação é o interesse em obter um touro de repasse, ou seja, um touro que fará a cobertura natural das matrizes que passaram por inseminação artificial, para a sua fazenda, associado a um eficiente sistema de cruzamento para o aumento na qualidade dos produtos. Considerando os objetivos dos cruzamentos, que consistem em produção de heterose, otimização do mérito genético aditivo, complementaridade (genética + ambiente) e formação de raças sintéticas ou compostas, qual sistema de cruzamento você indicaria para ser introduzido na fazenda da Sra. Alice? Além do sistema, você aconselharia o cruzamento entre raças puras ou cruzadas? Quais são as evidências que o conduzem a esses aconselhamentos?

Nesta seção, você aprenderá sobre a importância da ambiência e da eficiência na conversão alimentar dos bovinos de corte, bem como conhecerá os diferentes tipos de cruzamentos utilizados para esses animais, o que o auxiliará a satisfazer o pedido de sua cliente, a Sra. Alice.

Bons estudos!

Olá! Você já deve ter ouvido falar em sustentabilidade e bem-estar animal, temas que vêm liderando discussões nas mais diversas áreas, não se tratando de um "modismo" que logo se tornará esquecido. A sustentabilidade vem ganhando importância, especialmente, pelo fato de estarmos enfrentando mudanças climáticas que afetam toda a sociedade, a natureza e, principalmente, os animais. Isso inclui os animais domésticos de produção, como o gado de corte. E, devido ao fato de que as características reprodutivas apresentam de baixo a médio valores de herdabilidade, o ambiente é o principal fator na expressão dessas características. Daí a importância do bem-estar animal, que, por meio de melhorias no ambiente de criação, treinamento das pessoas envolvidas no manejo e estratégias bem formuladas de manejo, contribui para a melhor ambiência deles.

Porém, o termo ambiência engloba não apenas as relações entre o animal e o ambiente no qual é criado, mas também o aspecto psicológico, ou seja, o comportamento do animal frente às experiências com o homem, com o ambiente social (demais animais existentes no meio) e com suas experiências anteriores.

A relação animal-ambiente deve levar em consideração os fatores físicos (espaço, pastagem, luz, som e equipamento), químicos (gases atmosféricos), biológicos (alimento), sociais (taxa de lotação, categoria animal: touro, vaca, novilhas, etc.) e climáticos, sem, contudo, esquecer-se dos fatores psicológicos, que também constituem o ambiente, onde a interação animal-homem representa o principal fator de estresse para os animais.

A exposição ao estresse diminui a capacidade de adaptação dos animais, resultando em prejuízos para a homeostase (equilíbrio orgânico) e conduzindo a perdas nas taxas de crescimento e reprodução, alteração das taxas metabólicas, da temperatura corporal, dos metabólitos sanguíneos e das frequências cardíaca e respiratória. Tais alterações são uma tentativa do organismo para se adaptar ao ambiente, resultando, geralmente, em atraso da puberdade de touros jovens, alterações no perímetro escrotal e na qualidade do sêmen, degeneração testicular, maior consumo de água e diminuição de pastejo. Uma simples estratégia, como a oferta de locais com sombra e água para os animais se protegerem nos horários de maior calor, já auxilia na recuperação da homeostase e, consequentemente, da saúde e da produtividade dos animais.



Pesquise mais

Aspectos relacionados ao bem-estar animal, como a exposição ao estresse, a adequação de manejo e ambiente, entre outros, podem afetar não apenas a produtividade mas também a qualidade do produto. O texto citado a seguir discute sobre o efeito da ambiência na qualidade da carne em boyino de corte.

PARANHOS DA COSTA, M. J. R. Ambiência e qualidade de carne. In: JOSAHKIAN, L. A. (ed.). **Anais do 5º Congresso das Raças Zebuínas**. ABCZ: Uberaba, 2002, p. 170-174. Disponível em: http://www.grupoetco.org.br/arquivos_br/pdf/ambiequali.pdf>. Acesso em: 3 abr. 2019.

Até mesmo raças zebuínas, que demonstram boa capacidade de ambiência, apresentam perda na produtividade quando inseridas em locais hostis. Zebuínos da raça Nelore, quando criados no Planalto Central e transferidos para o Pantanal Sul-mato-grossense, podem apresentar menores pesos corporais e perímetro escrotal em relação aos contemporâneos mantidos em condições de melhor pastagem, por exemplo.



Reflita

Sempre que pensamos em estresse térmico, associamos isso à exposição a elevadas temperaturas, baixa umidade, etc., mas, e se um animal, por exemplo, da raça Nelore, que apresenta boa resistência ao calor, for criado em regiões onde as temperaturas são mais baixas? Poderia esse animal apresentar estresse devido ao ambiente? Poderá haver perda de produtividade do rebanho criado em tais condições?

Dentre as principais raças com boa capacidade de ambiência para a produção de carnes no Brasil estão: <u>taurinas</u> (Angus, Shorthorn, Limousin, Caracú, entre outras) e <u>zebuínas</u> (Nelore, Tabapuã, Guzerá e Indubrasil). Além disso, cruzamentos entre raças zebuínas e taurinas promoveram a geração das raças Santa Gertrudes (Shorthorn x Brahman), Canchim (Indubrasil x Guzerá ou Nelore), entre vários outras.

Os cruzamentos representam a forma mais rápida de obtenção de animais com boa capacidade de produção de carne, mesmo em ambientes rústicos, pois faz uso de fenômenos, como a heterose e a complementaridade de raças. A heterose, também chamada de vigor híbrido, expressa a superioridade dos animais cruzados (mestiços) em relação à média do desempenho de seus pais (raça pura), e é dada pela expressão:

$$Heterose = \frac{\text{média dos mestiços - média dos pais}}{\text{média dos pais}} \times 100$$

Isso se deve ao fato de que ocorre o aumento da heterozigose e, consequentemente, das ações gênicas não aditivas. A maioria das características reprodutivas e as ligadas à ambiência dos animais é beneficiada pela heterose. Em gado de corte, o uso de fêmeas cruzadas é importante pelo fato de estas serem sexualmente precoces, apresentarem melhor habilidade materna e serem mais férteis e prolíficas em relação às fêmeas de raça pura.

Já a complementaridade de raças se refere à junção de duas raças, tornando o animal cruzado mais produtivo e com maior valor adaptativo, seguindo o conceito de que algumas raças são melhores como paternas, e outras, como maternas. Como exemplo, se cruzarmos a raça Nelore, que é resistente às condições adversas de clima e pastagens, com a raça Red Angus, que tem elevada capacidade leiteira, maior precocidade sexual e ganho de peso, os descendentes apresentarão a rusticidade da Nelore e a habilidade materna e o melhor ganho de peso da Red Angus. Contudo, é importante ressaltar que os cruzamentos devem ser realizados entre animais superiores, para que os objetivos sejam alcançados.

Há diferentes sistemas de cruzamentos, porém os mais utilizados para gado de corte são:

- Cruzamento simples: é o cruzamento entre duas raças, cujos descendentes são enviados para o abate. Neste sistema, é importante manter uma quantidade de fêmeas puras para a reposição e para a continuidade dos cruzamentos. A escolha da melhor raça para esse tipo de cruzamento dependerá de fatores, como localização da propriedade onde os animais serão criados e tipo de manejo. Como exemplo de raças utilizadas neste tipo de cruzamento, temos as raças Limousin e Nelore.
- Cruzamento contínuo: é também conhecido como cruzamento absorvente devido à substituição de uma raça por outra, pelo uso contínuo desta segunda. Os descendentes produzidos são chamados de "puros por cruza" (PC). O cruzamento contínuo entre a raça Senepol (puro de origem) e uma zebuína (escolhida de acordo com os fatores ambientais e de manejo) possibilita a geração de indivíduos Senepol puros por cruza.
- Cruzamento rotacionado ou alternado contínuo: é o cruzamento em que a raça paterna é alternada a cada geração e pode ser realizado entre duas ou mais raças, desde que sejam semelhantes em algumas características, como tamanho corporal. Como exemplo de raças utilizadas no cruzamento rotacionado envolvendo duas raças estão Senepol e Nelore.
- Cruzamento triplo (terminal): reúne os cruzamentos simples e contínuo, em que, na primeira descendência, os machos são

destinados à recria e engorda, enquanto que as fêmeas são cruzadas com uma terceira raça (cruzamento terminal), sendo, nesta etapa, machos e fêmeas destinados ao abate. Como exemplo, a primeira descendência pode ser formada pelo cruzamento entre as raças Angus e Nelore, sendo a terceira raça utilizada para o cruzamento terminal, a Canchim.



Exemplificando

Vamos considerar um cruzamento hipotético entre as raças bovinas A e B, para compreendermos melhor o que ocorre com a composição genética do rebanho (porcentagens esperadas), tomando como exemplo um sistema de cruzamento contínuo. A Tabela 4.2 é composta pelos valores da composição genética dos pais e das progênies e, também, da porcentagem de heterose.

Tabela 4.2 | Esquema de cruzamento contínuo com as respectivas composições genéticas dos pais e da progênie e heterozigose

Composição	o genética (%)			
Pai	M	ãe*	Prog	ênie*	Heterozigose*
A	A	В	A	В	(%)
100		100	50	50	100
100	50	50	75	25	50
100	75	25	87	13	25
100	87	13	94	6	13
100	94	6	97	3	6
100	97	3	98	2	3
100	98	2	99	1	2
*porcentage	em esperada	a.			

Fonte: Filho (1997. p. 13).

Analisando os valores apresentados na Tabela 4.2, percebemos que, à medida que são realizados os cruzamentos entre touros da raça A e fêmeas da mesma raça, a composição genética para a raça A aumenta, ocorrendo a diminuição da heterozigose e, consequentemente, da variabilidade genética do rebanho. Além disso, é possível visualizar que o uso contínuo de touros da raça A vai gradualmente eliminando a ocorrência de progênie com composição genética da raça B, motivo que também auxilia na diminuição da heterozigose esperada.

Um ponto em comum que gera desvantagens aos diferentes sistemas de produção é a pastagem, ou seja, envolve a nutrição do animal. No Brasil, o principal substrato para a alimentação de bovinos de corte é a pastagem, cuja escassez durante o período de seca resulta em deficiência proteica para os animais. Por sua vez, o déficit proteico limita a ação dos microrganismos ruminais, prejudicando a digestibilidade e o próprio consumo de pastagens, resultando em baixo desempenho pelo animal. A suplementação alimentar vem sendo empregada há anos para auxiliar na eficiência de produção a pasto e, ao contrário do que se possa pensar, essa estratégia tem como objetivo aumentar a eficiência do uso de forrageiras, e não as substituir.

Dessa forma, é crescente a preocupação com a identificação e seleção de animais com melhor eficiência alimentar, pois o nível nutricional afeta o peso, o tempo de acabamento e a proporção de músculo, gordura e ossos da carcaça. Mas, como saber o que é preciso para melhorar a eficiência alimentar em bovinos de corte?

Primeiro, é preciso mensurar essa característica, para isso, há diferentes índices de eficiência alimentar, com suas respectivas vantagens e desvantagens. Vamos a eles? O consumo alimentar residual (CAR) vem sendo amplamente empregado para mensurar a eficiência alimentar. O cálculo do CAR é feito pela diferença entre o consumo individual observado e o consumo individual estimado, em função do peso e do ganho do animal. Porém, apesar de ser um índice ajustado para o peso vivo e auxiliar na identificação de animais eficientes, o CAR conduz à produção de animais mais magros (sem gordura de marmoreio, aquela entremeada no músculo e que confere mais sabor e maciez), portanto menos correlacionados ao lucro, e também pode estar associado à puberdade tardia.

Outra forma de avaliar a eficiência alimentar em bovinos é por meio da análise do par vaca-bezerro. Esse cálculo é feito avaliando-se o total de alimento ingerido pela vaca e o peso de sua progênie durante um ciclo completo de produção, que pode ser, por exemplo, o período entre a desmama de um bezerro até a desmama de um segundo bezerro. A eficiência alimentar é obtida comparando o total de alimento ingerido pela vaca com o peso do bezerro desmamado.

Isso poderia conduzir nosso pensamento a concluir que vacas maiores produzirão bezerros maiores. Isso é fato. Entretanto, existe uma correlação positiva entre o tamanho corporal e o consumo de alimento, ou seja, quanto maior for a vaca, maior será a quantidade de alimento necessária para sua mantença. Concluindo, apesar de fêmeas maiores produzirem bezerros maiores e resultarem em maior receita após descarte, isso não significa melhor desempenho em produção, uma vez que os gastos com insumos e alimentação dessas vacas também foram maiores.



Assimile

Você sabe o que significa exigência de mantença? Esse termo refere-se às quantidades de alimento ou energia necessárias para a vaca manter seu peso corporal constante, ou seja, para que os processos vitais permaneçam normais. O peso corporal, a raça, o sexo, a idade, a condição fisiológica, o nível de produção e nutricional, as condições ambientais, o estresse e o exercício são fatores que influenciam na exigência de mantença de um animal. Vamos mais além. A exigência de energia para a mantença é dada como o consumo de oxigênio, sendo a metade dessa necessidade utilizada por tecidos, como fígado, rins, tecido nervoso, trato gastrintestinal, e variações nas atividades de tais tecidos devido a fatores, como idade, genótipo, nutrição, etc., que influenciam na necessidade da energia de mantença.

Para compreendermos melhor o efeito do par vaca-bezerro, consideremos um grupo de vacas com indivíduos de pequeno, médio e grande portes. Em um ambiente onde todas recebem alimento de acordo com as suas respectivas exigências de mantença, ou seja, em uma relação genótipo-ambiente ideais, todas apresentarão taxas de cio semelhantes, enquanto que, se criadas em condições nutricionais insuficientes, os indivíduos de maior tamanho apresentarão menores taxas de cio e de parição e, consequentemente, menor produção.

Com isso, o principal objetivo do criador, durante as fases de cria, reprodução e gestão, é proporcionar ambiente adequado para que os animais possam expressar todo seu potencial genético (interação genótipo-ambiente), sendo estes animais, filhos de indivíduos previamente selecionados.

De um modo geral, os critérios para a seleção de animais são de natureza biológica e de mensuração qualitativa ou quantitativa. Dentre os critérios de seleção para bovinos de corte, estão as características reprodutivas, que são fortemente relacionadas à rentabilidade na produção, uma vez que rebanhos com elevada taxa de fertilidade dispõem de maior número de animais para a venda e para processos de seleção. Em fêmeas, as características mais utilizadas são:

- Idade ao primeiro parto: essa característica marca o início da vida reprodutiva do animal. Vacas com menor idade ao primeiro parto resultam em rápida recuperação do investimento, maior vida útil do animal e reduz o intervalo entre partos. Porém, essa característica apresenta herdabilidade de baixa a média magnitude.
- Intervalo entre partos: corresponde ao período de tempo entre duas parições consecutivas. Essa característica determina a eficiência reprodutiva do animal e a produção total de crias durante sua vida

útil. Deve-se tomar cuidado ao aplicá-la em processos de melhoramento, pois ela pode ser influenciada por estações de monta curtas, gerando resultados tendenciosos. Além disso, essa característica também apresenta baixa herdabilidade.

- Habilidade de permanência no rebanho: é a probabilidade de fêmeas permanecerem ativas, ou seja, em fase reprodutiva, a uma idade específica. A habilidade de permanência no rebanho contribui para a diminuição da reposição de novilhas no rebanho, porém conduz a um aumento no intervalo entre gerações e diminui o uso de touros mais jovens, diminuindo a acurácia para essa característica.
- Probabilidade de prenhez aos 14 meses de idade: as novilhas são colocadas para reprodução e recebem nota um ou zero, caso fiquem prenhas ou não, respectivamente. É uma característica com magnitude de herdabilidade entre média e alta, porém apresenta correlação negativa com o tamanho adulto e, consequentemente, com o peso da carcaça.

Já nos animais machos, a característica reprodutiva mais utilizada é o perímetro escrotal, que determina a quantidade de sêmen que o touro pode produzir. Essa característica auxilia na seleção de animais sexualmente precoces e apresenta correlação negativa e favorável com a idade ao primeiro parto.

Características de crescimento, como peso ao nascimento, que auxilia na diminuição de partos distócicos (partos difíceis e que necessitam de intervenção humana); peso maternal e peso ao desmame, que propiciam a avaliação da habilidade materna e do crescimento, respectivamente; peso ao sobreano (bezerro com mais de um ano), que avalia a capacidade do animal em ganhar peso após o desmame; e peso adulto, que evita a escolha de animais muito grandes, o que pode comprometer o desempenho reprodutivo do rebanho.

O produto (carne) também possui algumas características que são empregadas nos critérios de seleção e medidas por ultrassonografia, como a área do olho de lombo (AOL), analisada por meio da imagem da região entre a 12ª e 13ª costelas, e que apresenta correlação favorável com o grau de musculosidade em toda a carcaça e com a taxa de crescimento do animal; espessura da gordura subcutânea (EGS), medida por imagem da mesma região que o AOL, e que indica o grau de acabamento da carcaça, estando negativamente correlacionada com o tamanho à maturidade; e o marmoreio, que é definido pela gordura entremeada na musculatura e medido também pela imagem na região do AOL, contribuindo para a melhoria da qualidade do produto.

Sendo assim, a primeira decisão a ser tomada ao se iniciar um programa de melhoramento animal é definir os objetivos da seleção e os critérios, ou seja, as características para as quais os indivíduos serão avaliados. Assim, vamos conhecer alguns programas de melhoramento genético criados para gado de corte.

A criação do programa de melhoramento genético feita pela EMBRAPA Gado de Corte, em Campo Grande/MS, foi estabelecido em 1996 e, desde então, ele é utilizado por diversos criadores e associações de criadores das raças zebuínas, taurinas e compostas, com o objetivo principal de aumentar a frequência de alelos desejáveis nas próximas gerações, considerando-se o rebanho ou mesmo a raça. Os resultados das avaliações propiciam a tomada de decisões, cabendo ao criador a identificação de quais animais serão selecionados. A visão desse programa é que a avaliação genética busque sempre a maior produção de carnes por hectare e com menor custo, devendo ser um processo contínuo, e sua proposta inclui cinco diferentes fases: acasalamento, nascimento, maternal, desmama e sobreano. Além disso, o programa atende tanto os produtores de animais superiores quanto os multiplicadores, que adquirem os animais superiores, e os produtores comerciais.

Baseado nos princípios de seleção a pasto e de sistema de ciclo curto (reprodução e abate precoces), o programa de melhoramento da DeltaGen contribui para a precocidade do rebanho, sendo um processo dinâmico e constante. A análise do rebanho ocorre ao nascimento, ao desmame e pós-desmame e os dados coletados são analisados pela empresa GenSys Consultores Associados, incluindo a avaliação genética, entretanto também cabe ao produtor, de posse dos dados, escolher quais animais serão descartados da seleção.

Outro exemplo de programa de melhoramento genético em bovinos é o que foi criado pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), com o objetivo de aumentar a produção mundial de carne e leite. Para tanto, a ABCZ estabeleceu o Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos, que auxilia os criadores na identificação de animais precoces, com melhores índices de ganho de peso ou de produção de leite. Além disso, o programa disponibiliza as informações genéticas ao mercado, apoia pesquisas científicas e de inovação tecnológica e dá suporte técnico aos associados.

Como podemos ver, esforços vêm sendo realizados por diferentes instituições públicas e privadas, visando aprimorar as avaliações genéticas das raças de gado de corte no Brasil. E o engajamento de criadores aos programas estabelecidos é de grande importância para o sucesso da seleção e do melhoramento dos rebanhos.

Sem medo de errar

Olá! Vamos auxiliar a Sra. Alice a aprimorar a qualidade do rebanho de sua fazenda. Ela deseja utilizar um touro de repasse e um sistema de cruzamento que resulte na melhoria do rebanho e contratou a empresa MGA, onde você trabalha, para auxiliá-la. Considerando os objetivos e o tipo de cruzamento, qual sistema de cruzamento você indicaria para ser introduzido na fazenda da Sra. Alice? Além do sistema, você aconselharia o cruzamento entre raças puras ou cruzadas? Quais são as evidências que o conduzem a estes aconselhamentos?

Como a produtora quer manter seu próprio touro de repasse, isso significa que a fazenda terá a capacidade de trabalhar com apenas duas raças (a do touro e a da vaca). Sendo assim, você pode indicar o cruzamento simples, que utiliza um reprodutor e uma matriz com comprovada superioridade para as características de interesse, no caso, a produção de carne, e após o cruzamento, toda a progênie, seja macho ou fêmea, é enviada para o abate. Esse cruzamento é indicado utilizando-se raças puras, porém diferentes para o touro e para a vaca (por exemplo, Nelore x Angus).

As evidências que possam conduzi-lo a esses aconselhamentos é de que essa tática tirará proveito da combinação genética das duas raças, resultando em uma eficiente produção de carne, e de que o cruzamento simples gera animais com bom resultado produtivo, por aproveitar os efeitos da heterose, além de flexibilizar o manejo e a comercialização do produto.

Avançando na prática

Tal mãe, tal filho

Descrição da situação-problema

O Sr. Manoel está insatisfeito com o resultado dos lucros de sua produção de bovinos de corte. Apesar de ter vacas grandes, que geram bezerros também maiores e que apresentam boa constituição de carcaça ao abate, a lucratividade não é a esperada. Com seus conhecimentos adquiridos sobre análise de eficiência alimentar, como você poderia explicar essa realidade da propriedade do Sr. Manoel? E como orientá-lo a selecionar animais que possam trazer maiores lucros sem perda na produção?

Resolução da situação-problema

Analisando a situação do Sr. Manoel, você deve informá-lo que a lucratividade abaixo do esperado, mesmo em um rebanho nos qual os animais apresentam grande porte e boa formação de carcaça, pode ser decorrente da necessidade de maior ingestão de alimentos e insumos por esses animais, resultando em maior despesa, o que diminui, consideravelmente, os lucros. Dessa forma, você pode orientá-lo a realizar a análise do par vaca-bezerro para determinar as vacas com maior eficiência alimentar e que produzam também bezerros mais eficientes. Com isso, a despesa com a nutrição do rebanho será menor e o ganho com a produção não será afetado, resultando no aumento dos lucros.

no aumento dos lucros.
Faça valer a pena
. A existência de locais com sombra e água para os bovinos criados a pasto permite ue eles se refresquem nos horários de calor mais intenso, diminuindo os efeitos do stresse térmico e auxiliando na manutenção da saúde e da produtividade do rebanho
Considerando os efeitos do estresse térmico, leia atentamente a sentença a seguir ompletando corretamente as lacunas.
D estresse térmico diminui a capacidade de de bovinos, resultando em erda de, alteração da temperatura corporal e das frequências respiratória, em uma tentativa do organismo de se adaptar ao
assinale a alternativa que preenche corretamente as lacunas.) nutrição; ambiência; cardíaca; manejo.) ambiência; crescimento; musculares; ambiente.) crescimento; ambiência; cardíaca; confinamento.) nutrição; ambiência; cardíaca; confinamento.) ambiência; crescimento; cardíaca; ambiente.
2. A heterose é também conhecida como vigor híbrido. Sua expressão é analisada or meio da média do desempenho da progênie em relação à média do desempenho os país

176 U4 / Melhoramento genético de animais de interesse zootécnico

() A heterose expressa a superioridade de animais puros.() A heterose beneficia características reprodutivas.

Considerando as características da heterose, leia as assertivas a seguir:

() O aumento da heterose resulta em diminuição das ações gênicas não aditivas.

() A heterose beneficia características relacionadas à ambiência.

() A heterose resulta em diminuição da variabilidade genética do rebanho, tornando os animais racialmente mais puros.

Julgue as assertivas apresentadas como verdadeiras (V) ou falsas (F) e assinale a alternativa que apresenta a sequência correta.

- a) F V V V F.
- b) V V V F F.
- c) F V V F F.
- d) F V F V F.
- e) V F V V V.
- **3.** A complementaridade de raças é caracterizada pela utilização de duas raças distintas para a realização dos cruzamentos, tornando a progênie mais produtiva e com maior valor adaptativo.

Considerando os diferentes sistemas de cruzamentos, leia atentamente as assertivas a seguir:

- I. O cruzamento entre Nelore e Red Angus pode gerar animais com maior termotolerância e habilidade materna.
- II. É importante o uso de animais superiores em sistemas de cruzamento, para a obtenção de bons resultados.
- III. O sistema de cruzamento simples utiliza três raças distintas, e os descendentes, sejam machos ou fêmeas, são enviados para o abate.
- IV. O uso contínuo de uma segunda raça no sistema de cruzamento contínuo resulta na substituição total da raça original.
- V. A primeira descendência de machos em um sistema de cruzamento triplo é destinada ao abate.

Assinale a alternativa correta.

- a) Apenas as assertivas I, III e IV estão corretas.
- b) Apenas as assertivas I, II e IV estão corretas.
- c) Apenas as assertivas II, III e IV estão corretas.
- d) Apenas as assertivas III, IV e V estão corretas.
- e) Apenas as assertivas II, IV e V estão corretas.

Melhoramento genético de suínos e aves

Diálogo aberto

Olá! Estamos na reta final de nossos estudos sobre genética e melhoramento de plantas e animais. Já parou para avaliar quanta coisa nova e importante você aprendeu ao longo deste caminho? Agora você sabe a importância e a ação dos genes e do ambiente na formação das características de plantas e animais.

Com relação aos animais, por exemplo, você aprendeu que a variação genética e o manejo são muito importantes para a sua produção e o quanto as biotecnologias têm auxiliado no sucesso da reprodução, como a técnica de inseminação artificial. Além disso, você está apto para identificar as melhores raças para criação, de acordo com a região geográfica, além de indicar o tipo de cruzamento ideal para cada situação, visando à melhoria do produto final.

Nesta seção, vamos aprender sobre o melhoramento genético em suínos e aves. Afinal, você sabia que moramos no país que é o quarto maior produtor de carne suína e maior produtor de carne de frango do mundo? Mas, mesmo com posições de prestígio, ainda há muito a ser desenvolvido para melhorar a produção desses produtos. Com uma sociedade cada vez mais atenta para questões ambientais e nutricionais, os programas de melhoramento animal necessitam integrar diferentes áreas do conhecimento para atender à atual demanda.

Isso aconteceu, por exemplo, com o Sr. Antônio, que procurou pela assistência da MGA, empresa onde você trabalha, para o desenvolvimento de dois projetos: o primeiro consiste em elevar o potencial dos produtos gerados pelo seu rebanho de suínos, por meio da seleção dos melhores animais, enquanto o segundo consiste no planejamento para a introdução da produção de frango de corte em sua propriedade. Para tanto, ele espera obter da empresa contratada os delineamentos estratégicos necessários para alcançar os resultados esperados.

Em relação ao primeiro projeto e considerando que o rebanho de suínos do Sr. Antônio se constitui da raça Large White, qual estratégia você, na condição de especialista em melhoramento animal da MGA, delinearia para que seja obtido um aumento na produtividade do rebanho? Para o atendimento do segundo projeto, quais linhagens de frangos poderiam ser indicadas para a produção comercial de carne? Se você fosse indicar a produção concomitante de ovos e carne, quais linhagens poderiam ser utilizadas?

Nesta seção, você aprenderá sobre a importância dos trabalhos em melhoramento genético de suínos e frangos de corte, os desafios que ainda precisam ser vencidos nessa área e também que a sanidade ainda constitui importante fator para a produção, mesmo em rebanhos geneticamente melhorados.

Você está a um passo de se tornar um profissional com amplo conhecimento em melhoramento genético de animais. Busque sempre por novas informações, mantendo-se atualizado. Dessa forma, o sucesso será certo.

Bons estudos!

Não pode faltar

Você sabe qual é a carne mais consumida no mundo? Se você respondeu que é a carne bovina, está errado! A carne mais consumida no mundo é a suína. E, neste cenário, o Brasil é quarto maior produtor mundial, com 3,76 milhões de toneladas produzidas em 2017. Deste total, 693 mil toneladas foram exportadas, deixando o país também em quarto lugar em exportação mundial, mesmo havendo uma queda de 5,4% em relação ao ano de 2016. Em relação ao consumo per capita por ano de carne suína no Brasil, em 2017, ele foi de 14,1 kg, ainda muito inferior quando comparado, por exemplo, com o consumo de carne de frango no mesmo período (44,8 kg per capita) (EMBRAPA, 2018).

Esses números revelam que o desenvolvimento da suinocultura é um fator de crescimento importante e que tem condições de criar empregos em todos os setores da cadeia, aumentar a demanda de insumos agropecuários e expandir a comercialização e a industrialização da produção.

A história da suinocultura mundial sempre caminhou para uma economia de grande escala e elevada tecnologia. Na década de 1970, 60% das granjas nacionais eram consideradas de pouca ou nenhuma tecnificação (NEVES et al., 2016), mas a criação das associações de produtores propiciou os primeiros avanços tecnológicos, com o objetivo especial de melhorar a genética dos rebanhos para o aumento da produtividade. A partir da década de 1990, a suinocultura brasileira ganhou destaque internacional e grandes investimentos em tecnologia (NEVES et al., 2016).



Exemplificando

A tecnificação da produção consiste em desenvolver métodos que auxiliem a manutenção da homeostase do rebanho em situações de alto desempenho produtivo. Tomemos uma situação hipotética como exemplo, na qual um produtor de suínos aumenta o número de animais na granja sem o acompanhamento de técnicos e, como resultado, há

um aumento na ocorrência de doenças patogênicas e na agressividade dos animais. Essa situação gera um desequilíbrio fisiológico nos animais, prejudicando a produtividade deles. O dono da granja, então, procura por técnicos que, ao analisarem a situação, delineiam a seguinte alternativa para restabelecer a homeostase dos animais: aumentar a frequência de limpeza das instalações; utilizar desinfetantes e antibióticos para a prevenção de novas doenças; vacinar os animais e continuar o acompanhamento técnico mesmo após o restabelecimento das funções fisiológicas normais do rebanho e o retorno da produtividade ao patamar esperado.

Atualmente, devido ao aumento na eficiência produtiva de carne suína, há uma estratificação das granjas, como demonstrado no Quadro 4.1:

Quadro 4.1 | Tipos de granjas para a criação de suínos

Granjas núcleo	Granjas multiplicadoras
características desejadas. Nestas granjas são produzidos os machos reprodutores, os quais	ponsáveis por multiplicar o material genético desenvolvido nas granjas núcleo. Nas granjas multiplicadoras, são produzidas as matrizes comerciais que gerarão os animais que serão enviados para o abate.

Fonte: adaptado de Neves et al. (2016, p. 119).

Nesta estruturação, os ganhos genéticos obtidos pelos processos de melhoramento nas granjas núcleo e expandidos pelas granjas multiplicadoras são acrescidos pela heterose e pela complementaridade, advindos do uso de reprodutores cruzados e transferidos para os produtores comerciais.

Além do melhoramento genético, o melhoramento do ambiente, em especial a nutrição, também contribuiu para o aumento na produtividade. Esse conjunto de fatores propiciou o aumento na produtividade e na qualidade do produto, sendo, atualmente, a carne suína um produto com menor teor de gordura e, portanto, mais saudável. Este maior e melhor desempenho dos animais pode ser expresso pela redução da idade à puberdade de fêmeas; pelo aumento no tamanho da leitegada; pela redução da duração de amamentação; e pelo aumento na eficiência de conversão alimentar.



Assimile

A nutrição de suínos deve ser muito bem conduzida, sendo que o balanceamento das rações deve estar de acordo com as exigências nutricionais em cada fase de produção, para que sejam atendidas as necessidades de preservação do ambiente. O excesso de nutrientes na ração é a principal causa de poluição, por exemplo, pelo excesso de fósforo, portanto é necessário atenção com os ingredientes, buscando aqueles que apresentam alta digestibilidade e que sejam metabolizados adequadamente.

Na suinocultura, o uso da informação genômica nas avaliações genéticas também tem contribuído significantemente para o melhoramento genético de animais. Seleção genômica, assim como em bovinos, consiste na estimação de valores genéticos, utilizando ferramentas, como marcadores genéticos do tipo SNP. A metodologia mais amplamente utilizada por programas de melhoramento de suínos é a *single-step* (do inglês, passo único), em que as informações fenotípicas, genômicas e de pedigree são utilizadas no BLUP. A diferença entre o BLUP tradicional e o *single-step* está na matriz de parentesco utilizada, já que naquela utilizam-se apenas as informações de *pedigree*, enquanto que neste são utilizados os SNPs, formando um parentesco genômico, o que eleva a acurácia da análise. A análise de QTLs também tem sido uma importante ferramenta na determinação de características, como: tamanho de leitegada, eficiência alimentar, número de tetas, etc.

No entanto, as necessidades do mercado modificam-se na mesma velocidade que ocorre o avanço tecnológico no melhoramento de suínos, sendo que o atendimento a essas necessidades é um dos principais desafios para o futuro dos programas de melhoramento.

Além do aumento na produção, a atual demanda cresce também em termos de sustentabilidade e bem-estar animal, solicitando, por exemplo, o uso restrito de antibióticos, o fim da castração, a alocação dos animais em baias coletivas, entre outros. Um exemplo de melhoramento animal neste cenário é a obtenção de suínos que metabolizem melhor o fósforo ingerido através da ração, diminuindo sua eliminação pelas excretas. Outro exemplo é a seleção de animais mais resistentes às doenças, minimizando a necessidade do uso de antibióticos.



Pesquise mais

Os dejetos produzidos pelos suínos estão entre os mais poluidores, causando a degradação, especialmente, de recursos hídricos. Com a demanda da sociedade sobre a sustentabilidade e conservação ambiental, a destinação dos dejetos suínos tem sido uma preocupação para os produtores. O texto citado a seguir discute esse tema da página 5 à 7. Vale a pena pesquisar mais!

SCHMIDT, N. S. **Demandas atuais e futuras da cadeia produtiva de suínos**. [s.d.]. Disponível em: https://www.embrapa.br/documents/1355242/0/CIAS+-+Agropensa+-+Demandas+atuais+e+futuras+da+cadeia+produtiva+de+su%C3%ADnos.pdf. Acesso em: 16 dez. 2018.

Outra demanda que também vem ganhando força na sociedade é a exigência por carnes mais saudáveis. Neste ponto, compondo o conjunto de desafios futuros da suinocultura está a produção de carne mais magra, ou seja, com menor espessura de tecido adiposo subcutâneo (toucinho). Estudos em genética clássica caracterizaram o gene da "carne magra", que está associado à susceptibilidade de rigidez muscular, quando o suíno é submetido ao anestésico inalatório halotano. Esse gene, quando em homozigose recessiva, promove predisposição ao desenvolvimento de carne P.S.E. (do inglês, Pale-Soft and Exudative), especialmente quando os animais são submetidos a manejos inadequados. Esse tipo de carne apresenta alteração de cor, textura e capacidade de retenção de água, causando prejuízos à indústria de embutidos. Sendo assim, a melhor estratégia em rebanhos brasileiros, nos quais a frequência desse gene é alta, é o incremento na taxa de crescimento e ganho de peso em carne magra e, concomitantemente, eliminar esee gene por meio do uso da complementaridade de raças e explorando as progênies resultantes desses cruzamentos.

O Quadro 4.2 contém as características de algumas das principais raças de suínos criadas no Brasil atualmente.

Quadro 4.2 | Principais características de algumas das raças de suínos mais utilizadas para criação no Brasil

Raça	Características			
	Possui origem dinamarquesa e é a mais produzida no Brasil.			
LANDRACE	Os animais apresentam pele branca, fina e sua carne é magra,			
LANDRACE	tendo ótima capacidade reprodutiva e sendo amplamente			
	utilizados como matrizes.			
	São animais com origem no Norte da Inglaterra e de pele			
	branca, porte grande e alto ganho de peso diário. Possuem boa			
LARGE WHITE	formação dos membros e pernis cheios e profundos. São utili-			
	zados na formação de híbridos, cruzando os machos desta raça			
	com fêmeas Landrace para a produção em escala industrial.			

DUROC JERSEY	São animais cuja origem é dos Estados Unidos e apresentam notável ganho de peso diário. Possuem pele avermelhada e carne magra, mas também são bastante utilizados para a pro- dução de toucinho e banha.
PIETRAIN	Os animais dessa raça possuem origem belga e pele malhada de branco e preto. Apresentam boa capacidade reprodutiva e leiteira. Mesmo apresentando menor ganho de peso diário, são animais que possuem taxa de conversão alimentar ótima e a melhor produção de carne.
HAMPSHIRE	A origem desses amimais é americana e eles apresentam pelagem preta com uma faixa branca nos membros anteriores. As fêmeas apresentam elevada fecundidade. São animais amplamente utilizados para a produção de carne fresca.
As próximas	raças apresentadas possuem origem brasileira:
CANASTRÃO (ZABUMBA, CABANO)	São animais com pele grossa, preta ou vermelha, e apresentam crescimento tardio, boa capacidade reprodutiva e são utilizados para a produção de banha.
CANASTRA (MEIA-PERNA, MO- XOM)	Esses animais possuem pele escura e são utilizados para a produção de banha.
PIAU	São animais com pelagem malhada de branco/creme com preto, com espessura de carcaça de 4 cm e porte de médio a grande.
CARUNCHO	A pelagem desses animais é creme com manchas pretas, e eles apresentam boa produção de gordura e são utilizados para fins de subsistência em pequenas propriedades.
MOURA	A pelagem desses animais é mesclada branco e preto e eles apresentam alta capacidade reprodutiva e produzem carne de alta qualidade.
NILO CANASTRA	São animais indicados para regiões mais frias e são recomendados para a produção de banha.

Fonte: adaptado de Raimundo (2018).

Já no caso de aves, mais especificamente frangos de corte, apesar de haver mais de 300 raças e variedades, poucas apresentam valor comercial, estando as principais raças utilizadas apresentadas no Quadro 4.3.

Quadro 4.3 | Principais raças de frango de corte utilizadas para criação e suas respectivas características

Raça	Características			
PLYMOUTH ROCK BRANCA	Amplamente utilizada nos primeiros cruzamentos para produção de frangos de corte. Atualmente, compõe o material básico de muitas linhas cruzadas.			
NEW HAMPSHIRE	Produz ovos de cor marrom e, por anos, foi utilizada na produção de carne e no cruzamento com outras raças, dando origem aos híbridos de corte. Atualmente, poucos criadores se dedicam à sua comercialização.			

CORNISH BRANCA	Essa raça produz ovos de casca marrom, e a conformação do corpo é diferente das outras raças, porque os animais apresentam pernas mais curtas, corpo amplo e peito musculoso. A raça é boa para a produção de carne, mas produz poucos ovos e com eclodibilidade baixa. Para aproveitar a característica de boa produção de carne, frangos dessa raça são cruzados com outras raças, como Cornish, Plymouth Rock Barrada, Plymouth Rock Branca, New Hampshire e linhas híbridas, que apresentam melhor produção de ovos e eclodibilidade.
SUSSEX	Raça de origem inglesa, em que os animais são utilizados, predominantemente, para a produção de carne. Dentre as variedades dessa raça, a Light Sussex é a mais popular. Os animais produzem ovos de casca marrom.

Fonte: adaptado de Figueiredo (2018).

Vale destacar também que, para a produção de ovos, as raças que se destacam no mercado são a Lohman (Brown e LSL), Isa (Brown e Bancock), Hi-Lyne e Hysex.

Geralmente, é impossível conseguir que uma única raça seja boa produtora de carne e também de ovos, pois a seleção para alta quantidade de carne diminui a produção de ovos.

Os primeiros trabalhos em melhoramento genético de aves no Brasil tinham o objetivo de desenvolver linhagens comerciais para corte e postura, com o objetivo de diminuir a necessidade de importação de material genético, minimizar gastos e aumentar produtividade. Desde então, a produção de frangos de corte brasileira se tornou uma das mais organizadas do mundo, contribuindo significativamente para a economia do país. Atualmente, o Brasil é o segundo maior produtor mundial de frango de corte, com 13,1 milhões de toneladas produzidas em 2016, e é o maior exportador de carne de frango, registrando um total de 4,32 milhões de toneladas de carne exportadas no mesmo ano (EMBRAPA, 2018).

Os programas de melhoramento genético de frangos de corte baseiam-se na variabilidade genética dos indivíduos selecionados como progenitores, sendo animais híbridos e que apresentem altos índices de produtividade e de variabilidade genética utilizados com maior frequência. O uso de animais híbridos também auxilia na proteção do patrimônio genético, pois a comercialização desses animais evita a reconstituição de linhagens puras.

A seleção dos animais progenitores machos ocorre pelas características de peso corporal, eficiência na conversão alimentar, rendimento de carcaça, rendimento de peito, gordura de carcaça e empenamento. Já para as fêmeas, as características de seleção são fertilidade, eclodibilidade dos ovos, produção de ovos e empenamento.



Reflita

Há um alerta crescente quanto às mudanças climáticas e à produção de frangos de corte. Esses animais são sensíveis à temperatura elevada e apresentam mortalidade em temperaturas acima de 38 °C. Pesquisadores correm contra o tempo na busca de animais que apresentem a característica de termotolerância, para que o impacto na produção, devido ao aumento do calor, não seja devastador. Mas, você já parou para pensar sobre como frangos caipiras, criados soltos nas propriedades, conseguem suportar maior calor, enquanto que os frangos de granja apresentam elevada mortalidade? Reflita sobre o assunto!

De forma semelhante às demais espécies de animais de produção, os frangos também se beneficiaram da aplicação das biotecnologias associadas às informações do genoma, alavancando o desenvolvimento de animais de maior produtividade e qualidade. Entretanto, o melhoramento genético, somente, não basta para a continuidade de alta produtividade e boa qualidade dos produtos. O controle sanitário dos plantéis é de suma importância na produção de aves. O sistema de criação de aves fez com que surgisse, em conjunto com o Programa Nacional de Melhoramento Avícola (NPIP), que prioriza o controle sanitário, a expansão da indústria farmacêutica voltada à produção de produtos exclusivos para o uso avícola.

Mas o uso incorreto de produtos, como os antibióticos, tem propiciado a seleção de agentes patogênicos importantes, como as salmonelas, contra as quais não há antibióticos 100% eficientes atualmente. Além disso, boa parte das perdas de aves é decorrente de doenças respiratórias. Por isso, algumas medidas têm sido adotadas como tentativa de controle em biossegurança, como: a criação com idade única (sem misturar aves com diferentes idades), a programação e a execução rigorosas do calendário profilático (determinado para cada região), o controle do trânsito de veículos e de pessoal na propriedade, entre outras.

Apesar de o melhoramento genético ter aprimorado a taxa de sobrevivência das aves, ainda é importante a conservação da saúde dos animais para que o sistema se mantenha eficiente para a produção.

Caro aluno, agora você possui uma bagagem de conhecimento em melhoramento genético animal que o permite se desenvolver plenamente como profissional na área. Porém, lembre-se de sempre buscar por conhecimentos mais especializados para aprimorar ainda mais o que aprendeu ao longo deste curso.

Sem medo de errar

Chegou a hora de ajudar o Sr. Antônio com seus dois projetos, sendo que o primeiro consiste em elevar a produtividade do rebanho de suínos, enquanto o segundo consiste na introdução da produção de frango de corte em sua propriedade. Em relação ao primeiro projeto e considerando que o rebanho de suínos do Sr. Antônio se constitui da raça Large White, qual estratégia você, na condição de especialista em melhoramento animal da MGA, delinearia para que seja obtido um aumento na produtividade do rebanho? Para o atendimento do segundo projeto, quais linhagens de frangos poderiam ser indicadas para a produção comercial de carne? Se você fosse indicar a produção concomitante de ovos e carne, quais linhagens poderiam ser utilizadas?

Em relação ao primeiro projeto, você pode propor ao produtor que ele introduza a raça Landrace para cruzar com seus animais Large White, estratégia já utilizada para a produção em larga escala, ou seja, em escala industrial. Outra alternativa é a criação de animais da raça Pietrain, que apresentam boa taxa de conversão alimentar, refletindo em ótima produção de carne.

Já para a introdução da criação de frangos de corte, uma boa alternativa seria a criação e cruzamento das raças Cornish Branca e New Hampshire, para o aproveitamento, via complementaridade de raças, das características para produção de carne e produção de ovos e eclodibilidade, respectivamente. E, caso o Sr. Antônio também queira a criação de galinhas poedeiras, a raça Lohman seria uma alternativa.

Avançando na prática

As matrizes do rebanho

Descrição da situação-problema

A Sra. Marta quer transformar sua granja comercial de porcos em uma granja multiplicadora. Para isso, ela precisa de uma raça que tenha fêmeas que sejam boas matrizes, pois a função de uma granja multiplicadora é produzir animais por meio do cruzamento entre reprodutores adquiridos de granjas núcleo e suas matrizes, que serão destinados ao abate. Qual raça você indicaria para a Sra. Marta poder iniciar seu ambicioso projeto?

Resolução da situação-problema

Você pode sugerir a aquisição e seleção de animais da raça Landrace, que apresentam ótima capacidade reprodutiva e são amplamente utilizados como matrizes. Você deve ressaltar também que a seleção das melhores matrizes pode ser feita por meio da análise de características, como: tamanho de leitegada, eficiência alimentar e número de tetas.

Faça valer a pena

1	•	A	estra	atifi	cação	das	granj	as	ocorreu	devido	ao	aumento	da	produtividade	em
sı	ıín	OS	, con	no f	orma	de s	istem	atiz	zar e ord	enar a p	rod	ução.			

Sobre a estratificação das granjas, leia atentamente a sentença a seguir:

As granjas	são responsáveis	pela produção o	de animais p	oara abate,	em
escala industrial, por me	eio do cruzamento	entre	seleciona	das pela gra	ınja
e criados e	selecionados nas g	granjas			

Assinale a alternativa que preenche corretamente as lacunas.

- a) multiplicadoras; matrizes; reprodutores; núcleo.
- b) núcleo; matrizes; reprodutores; multiplicadoras.
- c) matrizes; multiplicadoras; reprodutores; núcleo.
- d) núcleo; multiplicadoras; reprodutores; matrizes.
- e) matrizes; reprodutoras; multiplicadores; núcleo.
- 2. Atualmente, no Brasil, há diversas raças de suínos criadas para a produção de carne e banha.

Considerando as diferentes raças criadas no Brasil, leia atentamente as assertivas a seguir:

- I. A raça Moura, de origem brasileira, é composta por animais com elevado potencial de produção de carne e reprodutivo.
- II. Animais da raça Duroc Jersey apresentam elevado ganho de peso diário e são indicados para a produção de toucinho e banha.
- III. As fêmeas da raça Hampshire apresentam baixa taxa de fecundidade e são indicadas para a produção de subsistência.
- IV. A raça Nilo Canastra é indicada para a criação em regiões mais frias e é ótima para a produção de carne fresca.
- V. Apesar de apresentarem crescimento tardio, animais da raça Canastrão apresentam boa capacidade reprodutiva.

Assinale a alternativa correta.

- a) Apenas as assertivas III e IV estão corretas.
- b) Apenas as assertivas I, II e III estão corretas.
- c) Apenas as assertivas I, II e V estão corretas.
- d) Apenas as assertivas III, IV e V estão corretas.
- e) Apenas as assertivas I e V estão corretas.
- **3.** Sabe-se que a seleção para frangos quanto à característica produção de carne tem correlação negativa com a produção de ovos, tornando difícil a obtenção de uma raça de corte e que também seja poedeira.

A respeito das diferentes raças de frangos de corte, leias as seguintes assertivas:

- () O cruzamento entre as raças Cornish Branca e Plymouth Rock Branca pode resultar em progênie com boa produção de carne e eficiente produção de ovos com boa eclodibilidade.
- () A raça Sussex é a mais utilizada para a produção de carne, sendo a variedade Light Sussex a mais popular.
- () A raça New Hampshire, utilizada em cruzamentos para a produção de carne, é intensamente criada pelos produtores.
- () Frangos da raça Plymouth Rock Branca são pouco utilizados nos cruzamentos para produção de animais de corte.

Julgue as afirmativas apresentadas como verdadeiras (V) ou falsas (F) e assinale a alternativa que contenha a sequência correta.

- a) V F V F.
- b) V F F F.
- c) F V V V.
- d) V V F F.
- e) F V F V.

Referências

ALBERTINI, T. Z. Consumo, eficiência alimentar e exigências nutricionais de vacas de corte na lactação e terminação. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ-USP). Piracicaba, 2006. Disponível em: http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11139/tde-02032007-112133/pt-br.php. Acesso em: 15 dez. 2018.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU. **Apresentação do Programa**. [s.d.]. Disponível em http://www.abcz.org.br/Home/Conteudo/23219-Apresentacao-do-programa. Acesso em: 14 dez. 2018.

BRCKO, C. C. Estimativas de parâmetros genéticos para a produção de leite e idade ao primeiro parto em vacas da raça Pardo-Suíça utilizando amostrador de Gibbs. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Pará. Belém-PA, 2008. Disponível em: http://www.cienciaanimal.ufpa.br/pdfs/CA_Ciencia_Animal/CA_Carolina_Carvalho_Brcko.pdf. Acesso em: 30 nov. 2018.

DELTAGEN. **Melhoramento genético**. [s.d.]. Disponível em: http://deltagen2.hospedagemdesites.ws/melhoramento.php?m=4&s=44. Acesso em: 14 dez. 2018.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Estatística | Desempenho da produção**. 2018. Disponível em: https://www.embrapa.br/suinos-e-aves/cias/estatisticas. Acesso em: 16 dez. 2018.

EQUIPE BEEFPOINT. Crescimento e terminação de bovinos de Corte. 3. Efeitos da Nutrição na fase de terminação e eficiência alimentar. 2002. Disponível em: https://www.beefpoint.com.br/crescimento-e-terminacao-de-bovinos-de-corte-3-efeitos-da-nutricao-na-fase-de-terminacao-e-eficiencia-alimentar-5184/. Acesso em: 12 dez. 2018.

Importância da ambiência na produção de bovinos de corte frente às mudanças
climáticas. 2009. Disponível em: https://www.beefpoint.com.br/importancia-da-ambiencia-
-na-producao-de-bovinos-de-corte-frente-as-mudancas-climaticas-54543/. Acesso em: 12 dez.
2018.

_____. Interações entre a nutrição e a eficiência reprodutiva em bovinos de corte. 2010. Disponível em: https://www.beefpoint.com.br/interacoes-entre-a-nutricao-e-a-eficiencia-re-produtiva-em-bovinos-de-corte-67684/. Acesso em: 13 dez. 2018.

EUCLIDES FILHO, K. **O** melhoramento genético e os cruzamentos em bovino de corte. Campo Grande, MS: EMBRAPA-CNPGC, 1997. 35 p. (EMBRAPA-CNPGC. Documentos, 63).

EUCLIDES FILHO, K. et al. Tendência genética na raça Gir. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 35, p. 787-791, 2000. Disponível em: https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/101807/1/pab98108.pdf. Acesso em: 3 dez. 2018.

FERRAZ, J. B. S. **Princípios básicos em cruzamentos de gado de corte**. 2000. Disponível em: https://www.beefpoint.com.br/principios-basicos-de-cruzamentos-em-gado-de-corte-4729/. Acesso em: 12 dez. 2018.

FIGUEIREDO, E. A. P. **Árvore do conhecimento:** frango de corte. 2018. Disponível em: http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/frango_de_corte/arvore/CONT000fzh0oawf02wx5ok0cpoo6aby0siwl.html. Acesso em: 16 dez. 2018.

LOPES, M. S.; KNOL, E. F. O futuro do melhoramento genético de suínos. 2015. Disponível em: https://pt.engormix.com/suinocultura/artigos/futuro-melhoramento-genetico-suinos-t38682.htm. Acesso em: 16 dez. 2018.

MACHADO, P. A. S. et al. Parâmetro nutricionais e produtivos em bovinos de corte a pasto alimentados com diferentes quantidades de suplemento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, p. 1303-1312, 2011. Disponível em: http://www.scielo.br/pdf/rbz/v40n6/20.pdf. Acesso em: 13 dez. 2018.

MARTINS, J. M. S. et al. Melhoramento genético de frangos de corte. **PUBVET**, v. 6, p. Art. 1369-1374, 2012. Disponível em: http://www.pubvet.com.br/artigo/3421/melhoramento-geneacutetico-de-frangos-de-corte. Acesso em: 16 dez. 2018.

MASCARENHAS, K. Melhoramento genético e avanços tecnológicos ajudam a tornar a carne suína mais saudável e nutritiva. 2018. Disponível em: https://ufla.br/noticias/pesquisa/12099-melhoramento-genetico-e-avancos-tecnologicos-ajudam-a-tornar-a-carne-suina-um-produto-cada-vez-mais-saudavel-e-nutritivo. Acesso em: 16 dez. 2018.

MEDEIROS, S. R. et al. **Eficiência nutricional:** chave para a produção sustentável de carne bovina. [s.d.]. Disponível em: https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/980477/1/MelhoramentoGeneticoCapitulo6.pdf. Acesso em: 12 dez. 2018.

MORGAN, A. O que saber para selecionar a melhor raça de galinhas poedeiras. 2018. Disponível em: https://www.cpt.com.br/noticias/o-que-saber-para-selecionar-a-melhor-raca-de-galinhas-poedeiras. Acesso em: 16 dez. 2018.

NEVES, M. F. et al. **Mapeamento da suinocultura brasileira**. Brasília, DF: Serviço Brasileiro de Apoio às Micro e Pequenas Empresas; Associação Brasileira dos Criadores de Suínos, 2016. Disponível em: http://www.abcs.org.br/attachments/-01_Mapeamento_COMPLETO_bloq.pdf. Acesso em: 16 dez. 2018.

PEIXOTO, M. G. C. D. et al. **Aprenda a escolher o touro de raças leiteiras para inseminação artificial do seu rebanho:** cartilhas elaboradas conforme metodologia e-Rural. Brasília, DF: EMBRAPA, 2015. Disponível em: https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/149468/1/Cartilha-Touro.pdf. Acesso em: 3 dez. 2018.

PEREIRA, J. C. C. Melhoramento genético aplicado à produção animal. 5. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008.

PORTAL SUÍNOS & AVES. **Melhoramento genético dos suínos para a produção de uma "carne magra"**. 2014. Disponível em: https://www.portalsuinoseaves.com.br/melhoramento-genetico-dos-suinos-para-a-producao-de-uma-carne-magra/. Acesso em: 16 dez. 2018.

RAIMUNDO, M. Conheça as 11 principais raças de suínos e suas características!. 2018. Disponível em: https://confortoanimal.marangoni.com.br/conheca-as-11-principais-racas-de-suinos-e-suas-características/. Acesso em: 12 dez. 2018.

ROSA, A. N. et al. **Melhoramento genético aplicado em gado de corte:** Programa Geneplus-Embrapa. Brasília, DF: Embrapa, 2013.

SANTANA JÚNIOR, M. L. et al. **Parâmetros genéticos das características reprodutivas de touros e vacas Gir leiteiro**. 2013. Disponível em: https://pt.engormix.com/pecuaria-leite/artigos/parametros-geneticos-caracteristicas-reprodutivas-t38529.htm. Acesso em: 3 dez. 2018.

SOUZA, R. O. **Longevidade do rebanho leiteiro**. 2001. Disponível em: https://www.milkpoint.com. br/artigos/producao/longevidade-do-rebanho-leiteiro-16679n.aspx. Acesso em: 1° dez. 2018.

TEIXEIRA, S. **Vaca leiteira:** principais características. Disponível em: https://www.cpt.com.br/dicas-cursos-cpt/vaca-leiteira-principais-caracteristicas. Acesso em: 3 dez. 2018.

_____. **Rebanho leiteiro:** causas da baixa produtividade. [s.d.]. Disponível em: https://www.cpt.com.br/cursos-bovinos-gadodeleite/artigos/rebanho-leiteiro-causas-da-baixa-produtividade. Acesso em: 3 dez. 2018.

TEODORO, R. L. et al. Estudo de características do Sistema Mamário e suas relações com a produção de leite em vacas da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, p. 131-135, 2000. Disponível em: www.scielo.br/pdf/rbz/v29n1/5741.pdf. Acesso em: 3 dez. 2018.

WENCESLAU, A. A. et al. Estimação de parâmetros genéticos de medidas de conformação, produção de leite e idade ao primeiro parto em vacas da raça Gir leiteiro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, p. 153-158, 2000. Disponível em: www.scielo.br/pdf/rbz/v29n1/5744.pdf. Acesso em: 3 dez. 2018.

