

Melhoramento de trigo na era da genómica

O melhoramento de plantas é o grande responsável pelo aumento de produtividade de cereais para alimentação, com especial atenção para a sua qualidade e segurança. O impacto do conhecimento científico no melhoramento esteve sempre presente e não será diferente na era da genómica.

Fernanda Simões . INIAV, I.P.



Melhoramento: o início

O melhoramento de plantas é talvez a atividade mais duradoura de sempre, acompanhando a evolução das civilizações desde a transição do estilo de vida nómada para um estilo de vida sedentário, que, ao fixar-se num determinado território, exigia uma nova função: a produção de alimento. Pensa-se que, desde há cerca de 10 000 anos, o poder de observação e seleção pelo Homem das plantas que melhor garantiam a sua subsistência e a dos animais que iam domesticando, foi responsável pela seleção das espécies que são hoje a base da agricultura. Deste modo, os primeiros melhoradores de plantas foram usufruindo das características das espécies selvagens que iam progressivamente introduzindo nas espécies que utilizavam, de modo a obter empiricamente características adicionais importantes, tais como a resistência a doenças e pragas, a resistência aos constrangimentos climáticos ou aumentos na produtividade. Mas nem tudo era instinto de melhorador: a capacidade de adaptação das diversas espécies foi sempre a característica mais importante e empiricamente a mais selecionada pelo Homem. Embora as atividades de melhoramento tenham contribuído para o desenvolvimento das várias civilizações humanas, raramente é uma atividade reconhecida pelas comunidades. O melhoramento, de plantas ou animais, pode utilizar conhecimento acumulado pelo próprio melhorador, atualmente em conjunto com o conhecimento gerado por muitas áreas da ciência em que se têm desenvolvido métodos e técnicas inovadoras que podem ser adaptadas à realidade agronómica e que contribuem para o desenvolvimento e o progresso na agricultura, culminando na introdução no mercado de novas variedades ou híbridos. Numa das últimas definições de melhoramento, diz-se

que é a arte e a ciência de melhorar o potencial genético de plantas ou animais para desenvolver animais ou plantas superiores em relação à sua utilização económica [1]. Uma vez que o Homem domina a arte, a aplicação dos desenvolvimentos da ciência e da técnica em áreas como a genómica, a fenómica e a proteómica podem conduzir o melhoramento para um novo patamar, reduzindo o tempo necessário para a obtenção de um organismo melhorado.

E quais as etapas do melhoramento de plantas?

Primeiro, como já referido, a determinação das características “observáveis” e do seu comportamento em diferentes situações, tais como características morfológicas, fenológicas (ciclo de desenvolvimento), resistência ou suscetibilidade a doenças e pragas, entre outras. Chama-se a isto a determinação do **fenótipo**. A seleção fenotípica é o método de seleção de plantas mais ancestral e contínuo no melhoramento e permitiu diferenciar, domesticar e aperfeiçoar grande parte das culturas agrícolas.

Depois, a associação, no início do século XX, das teorias de Mendel às teorias de Darwin levou a um novo entendimento sobre a hereditariedade e, nomeadamente, sobre a proporção da variância fenotípica (heritabilidade) de cada característica em seleção. A integração destes conceitos foi então utilizada para determinar a importância relativa da componente genética e ambiental na expressão das características de interesse e estimar o **valor genético** de cada indivíduo. A aplicação destes conceitos no melhoramento exigiu um maior cuidado no desenho experimental e na utilização de métodos de análise estatística para validar a qualidade dos dados obtidos. E, a partir daqui, os melhoradores iniciaram uma próxima e produtiva

relação com biólogos e matemáticos no sentido de desenvolver e otimizar métodos para reduzir erros e conseguir maximizar a precisão das estimativas dos valores genéticos. E, finalmente, em todo o melhoramento, está a unidade básica que é o **genótipo**. Na base dos eventos de domesticação ou seleção de fenótipo está a capacidade de resposta do indivíduo, que, por sua vez, está diretamente relacionada com a informação contida no seu material genético (DNA), ou seja, no seu genoma. É, de facto, o genoma de cada indivíduo que constitui a unidade básica para a seleção, seja ela a seleção natural ou a seleção dirigida para o melhoramento. A eficácia da seleção genotípica dependerá da heritabilidade das características de interesse e do efeito que as condições ambientais exercerem sobre a sua expressão.

Muita informação sobre segregação de genes, expressão de genes, genética quantitativa e de genética de populações foi sendo acumulada nos últimos anos, inicialmente em plantas-modelo. Em paralelo, o desenvolvimento das tecnologias de sequenciação de DNA massiva gera megadados de informação e a necessidade de os organizar e interpretar. A evolução em termos de nanotecnologias, em conjugação com o desenvolvimento das tecnologias informáticas, permitiu que a sequenciação de um genoma de qualquer espécie fosse atingível. E estas tecnologias permitem já a comparação de milhares de indivíduos ao nível da sequência de DNA, numa disciplina que foi denominada genómica.

Em paralelo, têm sido criadas grandes infraestruturas de registo de fenótipo, completamente automatizadas, que, em condições controladas, e algumas até em campo, registam continuamente o desenvolvimento das plantas, numa nova disciplina que é agora denominada fenómica.



ASSINATURA
ONLINE

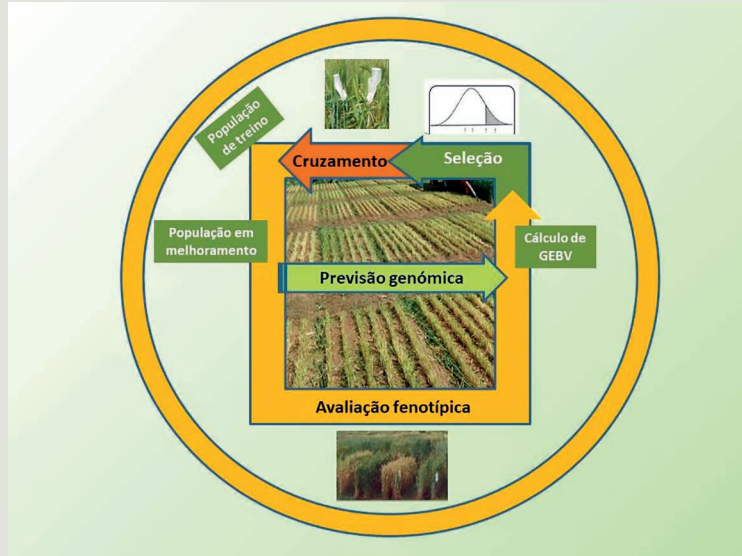


Figura 1 – Esquema que ilustra a estratégia de seleção genômica em trigo

Melhoramento assistido por marcadores

Como já foi referido, no melhoramento força-se a hibridação entre indivíduos parentais, selecionando-se ao longo de várias gerações para conseguir as características desejadas com base na seleção de fenótipos (geralmente entre 8 a 12 anos em plantas autógamas, como o trigo). O avanço nas tecnologias do DNA, permitiu a utilização de marcadores moleculares associados a algumas características ou fenótipos de interesse para selecionar de forma indireta a progenia que os comporta. Uma das estratégias utilizadas é a Seleção Assistida por Marcadores denominada **MAS** (do inglês *Marker Assisted Selection*), mas está limitada ao conhecimento dos marcadores de DNA e, por isso, funciona bastante bem para as características que estão associadas a apenas alguns genes importantes que residem em regiões (*locus*) denominadas **QTL** (do inglês *Quantitative Trait Locus*). No entanto, quando a característica expressa é produto da ação de muitos genes dispersos, a abordagem MAS não é mais eficiente do que a do melhoramento convencional.

Seleção genômica

Numa tentativa de superar esta insuficiência, e mais uma vez usufruindo das novas tecnologias de sequenciação de genomas, foi proposta uma nova estratégia para o melhoramento: considera milhares ou milhões de marcadores, espalhados ao longo de um genoma, derivados da determinação de sequências de DNA, que são associados aos fenótipos de uma população de treino (PT), a partir da qual se desenvolvem modelos de previsão dos valores genéticos de cada indivíduo [2]. Estes modelos são posteriormente utilizados para calcular os valores genéticos estimados pela genômica (GEBVs) de cada indivíduo numa população em melhoramento (PM), na qual são apenas determinados os genótipos (Fig. 1). Os modelos de previsão têm assim como base a equação da relação dos dados genotípicos e fenotípicos de uma população de treino para prever, apenas com base na análise dos marcadores de DNA dos indivíduos da população de teste, o seu futuro comportamento fenotípico. A correlação do valor de GEBV com o valor genético fenotípico da PT estima a precisão do modelo desenvolvido e é um fator importante para a denominada **seleção genômica**.

VIDA RURAL

REVISTA PROFISSIONAL DE AGRONEGÓCIOS



ASSINE JÁ!

WWW.VIDARURAL.PT

A REVISTA PROFISSIONAL PARA O MUNDO RURAL

Subscriba a nossa newsletter
e conheça as novidades e
tendências do setor

VIDA RURAL



Os indivíduos que apresentem o valor genético mais elevado serão os mais adequados para serem utilizados como parentais para novos programas de melhoramento, ou para continuar no avanço de gerações de teste até ao final do programa de melhoramento, sem que seja necessário gastar recursos com os indivíduos com valores genéticos baixos. A grande vantagem da utilização da seleção genómica no trigo é que os parentais de valor genético superior são selecionados ainda antes do ciclo final do melhoramento (ano 5 ou 6 *versus* ano 8) sem ter de fenotipar as características quantitativas.

E na era da genómica?

Nos últimos anos, a capacidade tecnológica para a determinação de sequências de genomas (sistemas de sequenciação em que são produzidas milhares de milhões de sequências), associada ao desenvolvimento consequente de programas informáticos que permitem organizar as sequências determinadas e compará-las umas com as outras, facilitou muito a identificação de marcadores moleculares espalhados ao longo de um genoma. O genoma do trigo, que é uma espécie poliploide (trigo duro – tetraploide e trigo mole – haploide), tem uma dimensão gigante. A dimensão estimada para o genoma de trigo mole é de 15 mil milhões de pares de bases, com 6 cópias de cada cromossoma, sendo um dos genomas mais complexos que se conhece [3].

Da análise de comparação entre as sequências de DNA determinadas entre fragmentos homólogos, são frequentemente identificados marcadores de base única denominados SNP, que podem depois ser utilizados nas matrizes de associação. No entanto, todos estes avanços exigem um desenvolvimento equivalente na capacidade computacional de análise de dados e de especialistas na área da bioinformática e bioestatística, essenciais para poder identificar com precisão os marcadores moleculares de interesse. O acesso às novas tecnologias de sequenciação revolucionou as abordagens genómicas e acelerou drasticamente o acesso a mais dados, com diminuição de custos. Estas novas tecnologias têm permitido a realização de estudos em trigo que envolvem a sequenciação de grande parte do genoma e a sua associação a características de interesse agronómico e de qualidade tecnológica. Estes estudos envolvem um elevado número de linhas em estudo, vários anos de acompanhamento, muitas vezes com repetições em diferentes locais [4, 5, 6].

Em Portugal, a Estação Nacional de Melhoramento de Plantas, integrada no INIAV (ENMP), foi, ao longo da sua história de mais de 75 anos, responsável pela obtenção e melhoramento de dezenas de variedades de plantas, tais como a seleção de trigos italianos, nos anos 50, para adaptação à produção nacional ou os trigos mexicanos, que influenciaram o programa de melhoramento da ENMP, entre outros. No Catálogo Nacional de Variedades (CNV) 2018 [7] estão inscritas pelo INIAV 11 variedades de trigo mole (de um total de 13 inscritas) e seis variedades de trigo duro (de um total de oito inscritas). A pressão para acelerar o melhoramento tem aumentado, não só devido ao dramático aumento da população mundial, que exigirá uma maior produção de cereais por área arável, mas também porque a resistência a pragas e doenças e a fatores climáticos instáveis exige o desenvolvimento de variedades mais plásticas e estáveis, capazes de manter níveis de produção mais elevados de forma estável.

O INIAV, em colaboração com o CEBAL (Centro de Biotecnologia Agrícola e Agro-alimentar do Alentejo), está a implementar métodos de seleção genómica em trigo, de modo a tentar corresponder às necessidades de acelerar o melhoramento de linhas de trigo com características vantajosas para a produção na zona mediterrânica (projeto FASTBREED – ALT20-03-0145-FEDER-000018). Prevê-se que a diminuição dos custos associados à sequenciação massiva favoreça a utilização da genómica, aumentando a intensidade de seleção.

Neste século XXI, na era da genómica, o INIAV persiste na necessidade de continuar a caracterizar a coleção nacional de variedades de trigo e introduzir o germoplasma nacional nos programas de melhoramento, de modo a selecionar indivíduos com as características que melhor definam a adaptação aos constrangimentos do clima mediterrânico, com produtividades elevadas e estáveis e com qualidade tecnológica de acordo com as exigências dos mercados e, ainda, a um ritmo de seleção mais elevado. Esta implementação requer um esforço adicional de investimento e desenvolvimento de novas áreas, como a bioinformática e a bioestatística, que irão preparar o futuro da seleção e melhoramento do trigo nacional, visando a inscrição de mais variedades de trigo no CNV.

Nota final

O aumento da capacidade de fenotipagem automatizada permitirá acrescentar cada vez mais rigor aos modelos a testar e o poder combinado da genómica e da fenómica irá, sem dúvida, abrir uma nova era no melhoramento, com o desenvolvimento de variedades que assegurem melhor produção, qualidade e segurança no trigo e outros cereais. 🍷

Bibliografia:

- [1] Hallauer, A.R. (2011) *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 11: 197-206, 20.
- [2] Meuwissen, T.H.E.; Hayes, B.J.; Goddard, M.E. (2001). *Genetics* 157, 1819-1829.
- [3] Zimin, A.V. *et al.* (2017). *GigaScience*, Volume 6, Issue 11, 1 November 2017, Pages 1-7, <https://doi.org/10.1093/gigascience/gix097>.
- [4] Ogonnaya, F.C. *et al.* (2017). *Theor Appl Genet.* 1819. <https://doi.org/10.1007/s00122-017-2927-z>.
- [5] Wang, S.X. *et al.* *PLoS ONE.* 2017;12(11):e0188662. doi:10.1371/journal.pone.0188662.
- [6] Begum, H. *et al.* (2015). Wu, R., ed. *PLoS ONE.* 2015;10(3):e0119873. doi:10.1371/journal.pone.0119873.
- [7] Catálogo Nacional de Variedades (2018). DGAV. ISSN 0871-0295.