

Técnicas biotecnológicas aplicadas ao melhoramento vegetal: alcance e limites

Magno Antônio Patto Ramalho¹, Isabela Volpi Furtini¹

RESUMO

A biotecnologia vem sendo considerada, nas últimas décadas, a área tecnológica com maior potencial para a solução de vários problemas da sociedade, entre eles, os do setor agrícola. O objetivo desse artigo é uma análise crítica do que ocorreu nos últimos 30 anos de emprego das técnicas biotecnológicas. O avanço no conhecimento básico foi enorme. Contudo, a aplicação das novas tecnologias visando à obtenção de novos cultivares capazes de proporcionar os incrementos na produtividade dos cultivos ainda é restrita, sobretudo, em função do investimento realizado. No futuro, certamente haverá necessidade de maior entrosamento entre os melhoristas e os biotecnologistas, visando a obter cultivares mais eficientes que os pré-existentes, em menor tempo do que ocorre atualmente.

Palavras-chave: Genética, marcadores moleculares, melhoramento de plantas, genoma.

ABSTRACT

Biotechnological techniques applied to plant breeding: reach and limits

In recent decades, the biotechnology has been considered the area with greater technological perspective in the solution of several problems of society, including in the agricultural sector. The aim of this article is to promote a critical analysis of what happened in the last 30 years of employment of biotechnology techniques. The advance in basic knowledge was enormous. However, the application of new technologies aimed at obtaining new cultivars that provide the increase in yield of crops is still restricted, especially, in terms of the realized investment. In the future, certainly there will be need for greater integration between the breeders and biotechnologists to obtain more efficient cultivars that pre-existing in less time than currently occurs.

Key words: Genetics, molecular markers, plant breeding, genome.

Recebido para publicação em março de 2009 e aprovado em abril de 2009

¹ Departamento de Biologia - UFLA. Caixa Postal 3037. 37200-000 Lavras - MG. E-mail: magnoapr@ufla.br

INTRODUÇÃO

Biocologia tem sido definida como qualquer técnica que utilize organismos vivos ou suas partes, para fazer ou modificar produtos, melhorar plantas ou animais, ou desenvolver microrganismos para usos específicos (Ramalho *et al.*, 2008). Por esse conceito, tudo o que o homem vem realizando há séculos são técnicas biotecnológicas. Assim, por exemplo, a domesticação das plantas iniciada há mais de 10.000 anos é aplicação da biotecnologia.

Contudo, o termo foi criado nos anos oitenta do século passado, em um sentido mais restrito, associado à manipulação do DNA (ácido desoxirribonucléico). É nesse contexto que esse artigo será direcionado. No final do século XX e início deste novo século ocorreu uma verdadeira avalanche de informações nessa área. A sociedade nunca investiu tantos recursos financeiros e humanos no conhecimento de um determinado assunto, como o das técnicas biotecnológicas. Como já se passaram mais de 30 anos dos primeiros empregos dessas técnicas é oportuno promover uma análise crítica do que ocorreu. A intenção não é de apresentar uma ampla revisão deste assunto, ela pode ser encontrada em vários livros textos, ou em alguns artigos (Kumar, 1999; Souza, 2001, Vieira *et al.*, 2004; Zanettini & Pasquali, 2004). O que se deseja é realizar uma análise crítica dessas novas metodologias no contexto do melhoramento genético das plantas cultivadas. O enfoque será direcionado a comentar as contribuições efetivamente realizadas, sobretudo em termos de incremento na produtividade de grãos e outros produtos, e na melhoria do manejo das culturas.

O DESENVOLVIMENTO DAS TÉCNICAS BIOTECNOLÓGICAS

Que o DNA era o responsável pela passagem da informação nos sistemas biológicos, começou a ser elucidado a partir de 1928, com o trabalho de Frederick Griffith, que descobriu o fenômeno da transformação bacteriana. A comprovação de que o DNA era a substância responsável pela transformação só ocorreu 16 anos depois, com três pesquisadores: Avery, MacLeod, McCarty. Como em biologia estrutura e função caminham juntas, a grande contribuição para o desenvolvimento da Biotecnologia ocorreu em 1953 com Watson e Crick, ao proporem um modelo para a molécula de DNA.

Um outro fato marcante foi o descobrimento, por Arber, em 1968, das enzimas de restrição, que cortam o DNA em pontos específicos. Com esse conhecimento foi possível realizar a transformação genética artificialmente. Isto é, passar a informação genética de uma espécie para outra não relacionada, o que é pouco provável na natureza. O primeiro sucesso a esse respeito foi relatado em 1972 por

Paul Berg, que introduziu um segmento de DNA da *Escherichia coli* no vírus *Simiam papiloma*. Esse trabalho é considerado o marco zero da denominada “era da genômica”.

Os laboratórios do mundo inteiro, nesses últimos trinta e poucos anos, concentraram seus esforços na geração de conhecimento científico e de tecnologia, tendo, como foco, a molécula de DNA. Embora ainda haja muito a ser realizado, o conhecimento gerado no funcionamento do gene é relevante. Com o desenvolvimento das técnicas de sequenciamento de DNA, o conhecimento do genoma em termos de seqüência das bases do DNA tornou-se possível, e foi impressionante o avanço do conhecimento nesse contexto. É possível seqüenciar milhões de bases de um DNA em um único dia. Esses progressos possibilitaram, entre outras coisas, que a tecnologia do DNA recombinante, denominada pela mídia de Engenharia Genética, responsável pela produção de organismos geneticamente modificados ou transgênicos, fosse um dos temas mais discutidos pela sociedade na última década.

Em função dessas descobertas é fácil imaginar as discussões científicas em termos das possibilidades de aplicações dessas técnicas. Os mais otimistas argumentaram que a maioria dos problemas da agricultura, por exemplo, poderiam ser resolvidos pela obtenção de transgênicos e que a obtenção de novos cultivares poderia ser integralmente realizada nos laboratórios, utilizando os marcadores moleculares (Stuber, 1992; Lee, 1995). Um outro grupo, porém, bem menor, não era tão otimista. Dizia que a manipulação do DNA não era tão simples como se imaginava (Jackson, 1991; Simmonds, 1991). Atualmente, existem melhores condições de se fazer uma análise crítica do que foi concretizado e novamente apresentar argumentos para as perspectivas dessas tecnologias.

TECNOLOGIA DO DNA RECOMBINANTE – PLANTAS TRANSGÊNICAS

Organismos transgênicos são aqueles, como já foi mencionado, que recebem o DNA de uma espécie não relacionada, por exemplo, de uma bactéria para a planta de soja, o que em princípio, não é possível na natureza. Inúmeros indivíduos transgênicos foram e estão sendo obtidos nesses últimos anos. Entre os casos que realmente resultaram em produtos comerciais, contudo, estão os relacionados com a resistência a herbicidas e insetos. O exemplo da soja resistente ao glifosato foi sem dúvida o de maior sucesso. Uma descrição de como foi realizado o processo é apresentada por Padgett *et al.* (1995).

O glifosato é um herbicida de amplo espectro, desenvolvido pela empresa Monsanto em 1970. É o herbicida mais comercializado e sua patente expirou no mundo em

1997. Ele atua na via metabólica responsável pela síntese dos aminoácidos aromáticos – triptofano, tirosina e fenilalanina, pela inibição da enzima 5-enolpiruvil-3-fosfochiquimato (EPSP sintase). Apenas as plantas e microrganismos que sintetizam os seus próprios aminoácidos são afetados pelo glifosato. A primeira versão da soja transgênica utilizou o gene CP4-EPSPS derivado de *Agrobacterium* spp. O seu emprego foi liberado nos EUA em 1998. Desde então, a área em que se cultiva a soja denominada RR tem sido aumentada em todo mundo.

A diferença entre o melhoramento tradicional e o realizado por meio de transferência de genes tem sido discutida em algumas situações (Prakash, 2001; Gepts, 2002). Em síntese, no melhoramento tradicional são manuseados milhares de genes, simultaneamente, e, nos processos transgênicos, um ou poucos genes. Gepts (2002) salientou, adicionalmente, que os transgênicos atuais envolvem ganho de função com o gene inserido. A planta de soja RR, por exemplo, tem uma enzima que realiza uma rota alternativa na síntese dos aminoácidos aromáticos. Já no melhoramento convencional há perda de função. O argumento é que muitos alelos importantes utilizados pelos melhoristas são recessivos, não produzem a enzima ou alteram a estrutura da proteína, impossibilitando que ela funcione. Entretanto, há várias exceções em que o melhoramento convencional manuseia alelos dominantes e, portanto, também há ganho de função.

Por que os produtos transgênicos têm gerado tanta polêmica? Não considerando os aspectos ideológicos, não há muitos argumentos para tanta discussão a respeito do emprego dos transgênicos. Uma questão frequentemente comentada é a possibilidade do fluxo gênico, a passagem do gene para outras plantas. Esse tema é também bem discutido em outras publicações (Ramalho & Silva, 2004). Em síntese, a passagem do gene para populações da mesma espécie é esperada. Se houver alguma vantagem seletiva, provavelmente irá permanecer na população, o que é desejável; caso contrário, será eliminada. A passagem para espécies nativas relacionadas é sem expressão no Brasil para a maioria das espécies, como o milho e soja, que não possuem parentes selvagens no país. O fluxo horizontal, isto é, a passagem do gene da planta cultivada para outras espécies não relacionadas é muito pouco provável.

Uma outra crítica aos transgênicos é que, com a intensificação do uso de herbicidas, por exemplo, poderiam ser selecionadas plantas daninhas resistentes ao produto comercial. Esse fato certamente ocorrerá, mas não é exclusivo dos transgênicos. É observado para os herbicidas comerciais, não utilizados em plantas transgênicas, com frequência (HRAC, 2008). Se alguma planta daninha torna-se resistente utiliza-se outro produto químico no seu controle. Essa substituição é corriqueira no manejo das culturas. O mesmo é esperado com as plantas resistentes,

aos insetos contendo o gene Bt. Estão sendo propostas alternativas para diminuir a pressão de seleção, mas, certamente, os insetos poderão tornar-se resistentes.

O último comentário é com relação ao custo da tecnologia. Até o momento, todos os produtos transgênicos comercializados são de poucas e grandes empresas multinacionais. Não se têm informações de produtos transgênicos desenvolvidos pelo setor público, que sejam efetivamente utilizados em qualquer parte do mundo. Não se deve esquecer que o custo da geração e, sobretudo, do atendimento das normas regulatórias de sua liberação comercial é muito alto. Segundo Goodman (2004) o custo das primeiras plantas transgênicas ultrapassou os 60 milhões de dólares. São necessárias mais negociações com as empresas detentoras da tecnologia para que o custo possa ser reduzido. A decisão de usar ou não o cultivar transgênico, contudo, é do agricultor. Há casos em que mesmo sendo caro justifica-se o uso e em outras situações, não.

Com o desenvolvimento de outras técnicas, especialmente de sequenciamento do DNA, a obtenção dos transgênicos poderá se expandir para outros produtos e não se concentrar apenas nas grandes empresas multinacionais. Além do mais, há outras técnicas, tais como a do DNA “shuffling”, em que se altera e se reintroduz o gene da própria espécie, ou seja, promove-se uma mutação direcionada. Já foi recomendado no Brasil um milho resistente ao glifosato, em que o gene alterado é do próprio milho. Nesse caso, algumas das restrições às plantas transgênicas poderão ser abrandadas.

É certo, entretanto, que a tecnologia do DNA recombinante é uma poderosa ferramenta, mas não resolve todos os problemas. É provável que ela se concentre em alguns casos de genes específicos, como ocorreu até o momento.

MARCADORES MOLECULARES

O grande problema do melhoramento de plantas é que se tem a informação do fenótipo e não do genótipo. Em inúmeras situações, quando o caráter é muito influenciado pelo ambiente, a eficiência da seleção pode ser pequena. Especialmente durante o início do século XX procurou-se por meio de métodos de melhoramento e, sobretudo, da melhoria da precisão experimental da avaliação das progênes, incrementar essa eficiência. Com os avanços da biologia molecular, uma técnica que logo despertou a atenção, por possibilitar o manuseio do próprio DNA em vez do fenótipo, foi a dos marcadores moleculares. Analogamente aos outros tópicos deste artigo, não é intenção realizar revisão a respeito dessa técnica. Informações bem detalhadas são encontradas em algumas publicações (Ferreira & Grattapaglia, 1998; Borém & Caixeta, 2009). O que se deseja é comentar algumas aplicações, seu sucesso e insucesso.

Os marcadores moleculares têm inúmeras aplicações no contexto do melhoramento e algumas delas serão comentadas. A primeira utilização, e que tem sido intensivamente aplicada, visa à escolha de genitores nos programas de melhoramento. De modo geral, houve uma grande frustração. Não ocorreu o esperado na maioria das situações. Algumas razões podem ser enumeradas. A primeira delas, é que procurou-se avaliar a diversidade dos prováveis genitores com marcas envolvendo todo o genoma e não só o caráter de interesse. Então, a correlação entre a diversidade e o par com melhor desempenho foi praticamente nula. Com o emprego de marcadores específicos para o caráter de interesse, essa desvantagem pode ser atenuada. Entretanto, identificar esses marcadores para os caracteres de baixa herdabilidade ainda é uma operação difícil e nem sempre eficiente.

Uma outra razão do insucesso na escolha dos genitores foi discutida por Ramalho & Lambert (2004). Os melhoristas não estão interessados em genitores que, quando cruzados, apresentem grande variabilidade. Eles desejam genitores bem adaptados, com média alta para o caráter de interesse e com alguma variabilidade quando cruzados, para que se possa ter sucesso com a seleção, isto é, incrementar a média em relação a ambos os genitores. Quando há muitos locos segregando, a probabilidade de manter a média dos pais é pequena. Os melhoristas, sempre que possível, optam por cruzar “bom x bom” (Dudley, 1997; Rasmusson & Phillips, 1997).

Uma outra aplicação, que ainda não foi implementada oficialmente no Brasil, é o emprego do teste de identidade com marcadores de DNA, para serem utilizados como critério no registro de cultivares. Há um grupo de pesquisadores interessados nessa técnica (Smith, 2008). Entre algumas vantagens desta tecnologia, Ferreira (2003) citou: a) independência da interação genótipos x ambientes, o que não ocorre com os marcadores morfológicos; b) o alto polimorfismo no DNA, especialmente em regiões de microssatélites; c) o baixo custo da genotipagem; d) o menor tempo requerido na análise do DNA em relação à análise fenotípica, para um grande número de espécies vegetais.

Embora aparentemente favorável, esse emprego dos marcadores merece uma maior reflexão da comunidade científica. Os marcadores não conseguem abranger todo o genoma e, com o avanço do melhoramento, as diferenças entre os cultivares são cada vez menores. Assim, duas linhagens podem ser bem similares, mas pequenas diferenças entre elas poderiam ser úteis para o agronegócio. Com o emprego da similaridade genética, dificilmente elas seriam aceitas para registro. Assim, por exemplo, uma nova linhagem de soja ou um novo cultivar de feijão teria enorme chance de apresentarem similaridade genética muito alta por marcadores moleculares, mas serem diferentes agronomicamente.

Troyer & Rocheford (2002) utilizaram exemplos com a cultura do milho que evidenciam este fato. Comentaram a avaliação em 3.059 experimentos, de dois híbridos simples, obtidos a partir de uma linhagem comum a eles, a LH51, cruzada com outras duas linhagens, a B73, para obtenção de um dos híbridos e a LH119, para o outro. Além disso, LH119 é derivada de um híbrido em que uma das linhagens é a B73, sendo, então, as duas linhagens muito relacionadas. Foi verificado que elas possuem 88,2% de similaridade genética, utilizando marcadores RFLP. Observou-se que os dois híbridos apresentaram a mesma produtividade de grãos, porém o híbrido B73 x LH51 apresentou florescimento mais precoce, altura da planta 3% menor e de espiga, 9% menor. O outro híbrido foi 5% mais vigoroso na primavera, 15% superior em “stay green”, com redução de 18% em plantas quebradas. Assim, o híbrido LH119 x LH51 foi recomendado para regiões com maior quantidade de chuvas durante o cultivo. Demonstrou-se também que a linhagem LH119 foi mais tolerante ao calor e à seca do que a B73, no florescimento.

Dependendo do nível de similaridade a ser adotado, o fluxo de registro de novos cultivares não será o existente atualmente. Certamente, muitos novos cultivares com vantagem em relação aos pré-existentes seriam descartados. Ramalho & Lambert (2004) comentaram que: “Esse não é um problema exclusivo dos marcadores moleculares, mas sim de todos os descritores utilizados para proteção de cultivares. Entretanto, é preciso que o assunto seja amplamente debatido, para não ser mais um entrave aos programas de melhoramento no Brasil. Isto porque as melhores linhagens ou cultivares, ou seja, aqueles que apresentam maior adaptação em várias condições, certamente terão muitos locos com constituições genéticas semelhantes”.

Uma terceira aplicação dos marcadores é a seleção assistida (SAM). Essa também é uma aplicação que foi e está sendo amplamente pesquisada (Stuber, 1992; Asins, 2002; Guimarães *et al.*, 2009). Foram desenvolvidos vários tipos de marcadores nesses últimos 20 anos. Uma descrição a respeito do seu sucesso e insucesso é apresentada por Bernardo (2008) ao publicar o artigo “Molecular markers and selection for complex traits in plants: Learning from the last 20 years” e por Xu & Crouch (2008) na publicação “Marker-assisted selection in plant breeding: from publications to practice”. O que se pode verificar é que a técnica tem um potencial enorme em auxiliar os melhoristas. Contudo, por problemas de ordem prática ou de custo, é difícil sua efetiva implementação. Há informações de que as grandes empresas de sementes multinacionais já incorporaram o emprego de marcadores como rotina nos programas (Eathington *et al.*, 2007). Segundo esses autores, a

Monsanto tem utilizado com sucesso os marcadores, até mesmo para caracteres quantitativos. Há de ressaltar que ela avalia o DNA de alguns milhares de indivíduos, utilizando um grande número de marcas. Para isto, certamente dispõe de uma grande estrutura laboratorial, que dificilmente poderá ser “copiada” pelos programas menores de melhoramento.

A cada novo tipo de marcador surge uma nova esperança de que eles possam se tornar rotina em todas as condições. Em muitos casos, após algum tempo, chega-se a conclusão que o resultado não era bem o esperado.

Com as facilidades do sequenciamento do genoma, tornou-se possível utilizar marcas dentro do próprio gene, o que é altamente desejável. Contudo, o controle genético de um caráter, por mais simples que seja, envolve algumas regiões regulatórias, fatores de transcrição, o promotor, a parte estrutural do gene e outros (Holland, 2006; Pearson, 2006; Gingeras, 2007). Fica fácil entender que a alteração pode ocorrer em qualquer uma dessas regiões e não apenas na região estrutural, a realmente traduzida. Miflin (2000) comentou que há um “enorme vazio” entre a informação contida na sequência de bases do gene e a expressão fenotípica. A seleção assistida por marcadores tem ainda um longo caminho a percorrer para efetivamente ser utilizada em todos os programas de melhoramento.

Há outras aplicações dos marcadores moleculares no melhoramento. Elas não serão discutidas, mas, analogamente ao que já foi comentado, têm potencial, mas não chegam a ser utilizadas como rotina, na maioria dos programas de melhoramento.

O MELHORAMENTO DE PLANTAS NA ERA DA BIOTECNOLOGIA

O que ocorreu com o melhoramento de plantas no período de maior euforia da biotecnologia será comentado a seguir. Vamos tomar como exemplo o Brasil. No período de 1986, início dos trabalhos com biotecnologia no Brasil, a 2008, a população passou de 135 milhões para 189 milhões de habitantes (IBGE, 2009). A produção de alimentos foi suficiente para atender toda a demanda da população e, mais do que isto, as exportações de produtos agrícolas foi a grande responsável pelo saldo positivo na balança de pagamento do país. A produção total de grãos, por exemplo, passou de pouco mais de 50 milhões de toneladas em 1986 para 136 milhões de toneladas em 2008, com acréscimo de apenas 17% na área cultivada. Isto só foi possível graças ao incremento em produtividade por área em todas as espécies cultivadas (Vencovsky & Ramalho, 2006). Desse incremento, pelo menos 50% deve ser creditado ao melhoramento genético de plantas, utilizando os denominados métodos convencionais.

Os recursos destinados aos programas de melhoramento no período não são conhecidos. Mas é fácil verificar que eles foram infinitamente inferiores aos direcionados às técnicas biotecnológicas. Foi possível avançar em termos de novos cultivares com os recursos disponíveis, como os dados apresentados comprovam.

O problema mais sério ocorrido foi a redução no número de jovens talentosos para o treinamento em melhoramento. Eles têm sido fascinados pelas possibilidades das novas técnicas biotecnológicas. Os programas de pós-graduação com ênfase em melhoramento de plantas estão direcionando número crescente de vagas para as áreas de biologia molecular. Esse fato pode ser comprovado por meio dos assuntos das dissertações e, ou, teses desses programas nos últimos dez anos. Como consequência há falta de melhoristas com habilidades nas atividades de campo no Brasil. Essa mesma constatação é observada em todo o mundo (Knight, 2003; Hancock, 2006; Lee & Dudley, 2006).

PERSPECTIVAS DA BIOTECNOLOGIA NAS PRÓXIMAS DÉCADAS

Fazer previsões de uma ciência com tantas possibilidades como a biotecnologia e, sobretudo suas aplicações futuras em uma área com imensa diversidade, como ocorre no agronegócio brasileiro, é uma insensatez. Há, contudo, alguns cenários para os próximos anos, com enorme probabilidade de ocorrência, que certamente refletirão nas necessidades da biotecnologia. Entre eles: a demanda de alimentos irá aumentar em função do incremento da população (Pingali, 1999) e do crescimento da renda per capita em alguns países como China e Índia; o Brasil será um dos principais produtores de produtos agrícolas nas próximas décadas; a pressão da sociedade nas questões ambientais será crescente e em consequência, será difícil incorporar novas áreas nas atividades agrícolas; a utilização de insumos agrícolas, especialmente os agroquímicos, terá questionamento crescente; o uso da água na irrigação será não só mais discutido como terá custo maior; a demanda por biocombustíveis será crescente. Todos esses fatos têm reflexo direto na necessidade de incrementar a produtividade dos cultivos.

Para esse incremento na produtividade por área, a obtenção de novos cultivares que substituam com vantagens os pré-existentes, como ocorreu no passado, será uma das principais opções da sociedade humana. Todas as evidências disponíveis, entretanto, indicam que a obtenção de novos cultivares deverá ser muito mais dinâmica do que no passado. Para isto, será necessário utilizar todas as tecnologias disponíveis. Uma delas com maior potencial são as técnicas biotecnológicas. Haverá necessidade de que elas passem de uma mera possibilidade, como tem sido colocado em vários artigos, para uma situação de eficácia comprovada.

Acredita-se que já existam evidências suficientes para mostrar que as técnicas biotecnológicas por si só não irão resolver todos os problemas da agricultura brasileira e mundial. Devemos evitar o que ocorreu no início das pesquisas com DNA recombinante no Brasil. Alguns pesquisadores dessa área acreditavam que os problemas da agricultura estavam todos resolvidos. Gander (1986), por exemplo, assim se expressou: “Tradicionalmente, os objetivos dos agricultores são: a) aumentar a produção de uma determinada cultura pela seleção de variedades que apresentem: resistência a doenças e pragas; resistência à encharcamentos e à seca; maior resposta a fertilizantes ou mesmo independência destes; tolerância a condições hostis do solo como acidez, salinidade etc. b) aumentar o valor da cultura selecionando características comercialmente recompensadoras, como: maior conteúdo de óleo; maior valor nutritivo. Até agora estes objetivos só foram alcançados através de métodos tradicionais da genética mendeliana, como a seleção e a reprodução de indivíduos que apresentem as qualidades desejáveis. No entanto, ao que tudo indica, esta estratégia levou o rendimento das culturas a uma situação estacionária, da qual os métodos tradicionais não permitem que se saia. Sendo assim, novas técnicas devem ser descobertas e aplicadas, para que se possa ultrapassar barreiras naturais a cruzamentos e para que melhores colheitas sejam obtidas. A “tecnologia de DNA recombinante” é muito provavelmente o caminho mais indicado. Além de seu potencial prático, esta tecnologia pode contribuir muito para que se aprofundem os conhecimentos sobre a estrutura dos genes e a maneira como esses se expressam.

Esse argumento de que não existe mais variabilidade para o sucesso na seleção das plantas cultivadas objetivou desviar a atenção do melhoramento convencional, visando a um possível benefício na obtenção de mais recursos para as técnicas biotecnológicas. Tanto é assim que, para a maioria das espécies cultivadas, o progresso no período de 1986 a 2006 foi espetacular (Vencovsky & Ramalho, 2006). Se os melhoristas no ano de 1986 tivessem acreditado nas conclusões sem fundamentação de alguns biotecnologistas, a sociedade humana certamente teria tido sérios problemas para atender à demanda de alimentos no período. Atualmente, ficou claro que é impossível aplicar as técnicas biotecnológicas sem, por exemplo, o melhoramento. A etapa de avaliação no campo poderá até ser reduzida, mas nunca será eliminada. Assim, será preciso que os dirigentes dos órgãos de fomento da pesquisa se conscientizem de que não existe, no contexto da obtenção de novos cultivares, ciência mais importante que outra. Os recursos financeiros e humanos deverão ser equanimemente distribuídos entre as diferentes áreas para que a sociedade possa ter todos os alimentos, frutos e fibras de que necessite, sem agravar ainda mais as questões ambientais.

REFERÊNCIAS

- Asins MJ (2002) Present and future of quantitative trait locus analysis in plant breeding. *Plant Breeding*, 121:281-291.
- Bernardo R (2008) Molecular markers and selection for complex traits in plants: Learning from the last 20 years. *Crop Science*, 48:1649-1662.
- Borém A & Caixeta ET (2009) Marcadores moleculares, 2ª ed. Viçosa, UFV. 532p.
- Dudley JW (1997) Quantitative genetics and plant breeding. *Advances in Agronomy*, 59:1-23.
- Eathington SR, Crosbie TM, Edwards M.D, Reiter RS & Bull JK (2007) Molecular markers in a commercial breeding program. *Crop Science*, 47:154-163.
- Ferreira ME & Grattapaglia D (1998) Introdução ao uso de marcadores moleculares em análises genéticas, 3 ed. Brasília, EMBRAPA/CENARGEN. 220p.
- Ferreira, ME (2003) Melhoramento genético do arroz: impactos da genômica. In: Borém A, Giúdice M & Sedyama T (Eds.) Melhoramento genômico. Viçosa, UFV. p. 73-127.
- Gander ES (1986) Tecnologia do DNA recombinante em plantas. *Ciência e Cultura*, 38:1179-1185.
- Gepts PA (2002) Comparison between crop domestication, classical plant breeding, and genetic engineering. *Crop Science*, 42:1780-1790.
- Gingeras TR (2007) Origin of phenotypes: genes and transcripts. *Genome Research*, 17:682-690.
- Goodman, MM (2004) Plant breeding requirements for applied molecular biology. *Crop Science*, 44:1913-1914.
- Guimarães CT, Schuster I, Magalhães JV & Souza Júnior CL (2009) Marcadores moleculares no melhoramento. In: Borém A & Caixeta ET (Eds.) Marcadores moleculares. Viçosa, UFV. p. 129-176.
- Hancock JF (2006) Introduction to the Symposium: Who will train plant breeders. *HortScience*, 41:28-29.
- Holland JB (2006) Theoretical and biological foundations of plant breeding. In: Lamkey KR & Lee M (Eds.) Plant breeding: The Arnel R. Hallauer International Symposium. Oxford, Blackwell Publishing. p. 127-140.
- HRAC - Herbicide Resistance Action Committee (2008). Disponível em: <<http://www.hracglobal.com>> Acessado em: 17 de dezembro 2008.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2009) População. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/populacao/projecao_da_populacao/2008/default.shtm> Acessado em: 12 de janeiro 2009.
- Jackson W (1991) Our vision for the agricultural sciences need not include biotechnology. *Journal of Agricultural and Environmental Ethics*, 4:207-215.
- Knight J (2003) Crop improvement: A dying breed. *Nature*, 421:568-570.
- Kumar LS (1999) DNA markers in plant improvement: An overview. *Biotechnology Advances*, 17:143-182.
- Lee EA & Dudley JW (2006) Plant breeding education. In: Lamkey KR & Lee M (Eds.) Plant breeding: The Arnel R. Hallauer International Symposium. Oxford, Blackwell Publishing. p. 120-126.
- Lee, M (1995) DNA markers and plant breeding programs. *Advances in Agronomy*, 55:265-343.
- Mifflin B (2000) Crop improvement in the 21st century. *Journal of Experimental Botany*, 51:1-8.

- Padgett SR, Kolacz KH, Delannay X, Re DB, Lavallee BJ, Tinius CN, Rhodes WK, Otero YI, Barry GF, Eichholtz DA, Peschke VM, Nida DL, Taylor NB & Kishore GM (1995) Development, identification, and characterization of a glyphosate-tolerant soybean line. *Crop Science*, 35:1451-1461.
- Pearson H (2006) Genetics: what is a gene? *Nature*, 441:398-401.
- Pingali PL (1999) Role of heterosis in meeting world cereal demand in the 21st century. In: Coors JG & Pandey S (Eds.) *Genetics and exploitation of heterosis in crops*. Wisconsin, American Society of Agronomy. p. 493-500.
- Prakash CS (2001) The genetically modified crop debate in the context of agricultural evolution. *Plant Physiology*, 126:8-15.
- Ramalho MAP & Lambert ES (2004) Biometria e o melhoramento de plantas na era da genômica. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 3:228-249.
- Ramalho MAP & Silva N (2004) O fluxo gênico em plantas. In: Mir L (Ed.) *Genômica*. São Paulo, Atheneu. p. 863-884.
- Ramalho MAP, Santos JB dos & Pinto CABP (2008) *Genética na agropecuária*, 4ª ed. rev. Lavras, Editora UFLA. 463p.
- Rasmusson DC & Phillips RL (1997) Plant breeding progress and genetic diversity from de novo variation and elevated epistasis. *Crop Science*, 37:303-310.
- Simmonds NW (1991) Genetics of horizontal resistance to diseases of crops. *Biological Reviews*, 66:189-241.
- Smith S (2008) Intellectual property protection for plant varieties in the 21st century. *Crop Science*, 48:1277-1290.
- Souza AP (2001) *Biologia molecular aplicada ao melhoramento*. In: Nass LL, Valois ACC, Melo IS & Valadares-Ingliš MC (Eds.) *Recursos genéticos e melhoramento de plantas*. Rondonópolis, Fundação MT. p. 939-966.
- Stuber CW (1992) Biochemical and molecular markers in plant breeding. *Plant Breeding Reviews*, 9:37-61.
- Troyer AF & Rocheford TR (2002) Germplasm ownership: related corn inbreds. *Crop Science*, 42:3-11.
- Vencovsky R & Ramalho MAP (2006) Contribuições do melhoramento genético no Brasil. In: Paterniani E (Org.) *Ciência, agricultura e sociedade*, 1 ed. Brasília, EMBRAPA. p. 41-74.
- Vieira MLC, Vello NA & Silva Filho MC (2004) Genética e melhoramento vegetal. In: Mir L (Ed.) *Genômica*. São Paulo, Atheneu. p. 679-704.
- Xu Y & Crouch JH (2008) Marker-assisted selection in plant breeding: from publications to practice. *Crop Science*, 48:391-407.
- Zanettini MHB & Pasquali G (2004) Plantas transgênicas. In: Mir L (Ed.) *Genômica*. São Paulo, Atheneu. p. 721-736.