

MELHORAMENTO GENÉTICO PARTICIPATIVO: UMA ESTRATÉGIA PARA OS AMBIENTES ADVERSOS DO SEMI-ÁRIDO NORDESTINO

Marcelo Renato Alves de Araújo¹, Helenira Ellery M. Vasconcelos²

¹Eng. Agrôn., M.Sc., Ph. D., em Melhoramento Genético de Forrageiras, Embrapa Caprinos, Sobral, CE, araujom@cnpq.embrapa.br; ²Embrapa Agroindústria Tropical; Rua Sara Mesquita, 2270, Fortaleza, CE, Eng. Agrôn., M.Sc., em Desenvolvimento Agrícola – CPDA. Doutoranda em Sociologia UFC, helenira@cnpq.embrapa.br

RESUMO: Acreditando que o Melhoramento Genético Participativo (MGP) pode desempenhar um papel preponderante para promover a sustentabilidade de regiões semi-áridas, o presente estudo traz uma revisão da literatura atualizada sobre esta temática, com o objetivo de mostrar que os conhecimentos de seleção e de genética quantitativa podem e devem ser adequados às estratégias de seleção e ao melhoramento genético participativo de plantas, bem como demonstrar que os conceitos de herdabilidade e resposta à seleção são correlacionados aos ambientes nos quais foram estimados, e que o uso de modelos estatísticos adequados aumenta a possibilidade de efetuar a seleção de genótipos sem a perda da variância genética e da biodiversidade. A discussão se dá entrelaçada pela problemática instituída por um paradigma cartesiano que concebeu a separação entre ciências humanas e ciências exatas, concepção que bem se ilustra com o advento da Revolução Verde. Apontando as possíveis vantagens do MGP sobre o melhoramento convencional, nas considerações finais se tecem comentários sobre a necessária aproximação dos dois saberes para construção dos alicerces do desenvolvimento rural sustentável.

Introdução

Mesmo antes que o conhecimento científico formal tivesse formulado qualquer conceito básico sobre melhoramento genético, agricultores da idade neolítica, sem qualquer acesso, mesmo que rudimentar, a informações sobre sexo e o seu papel na reprodução das plantas adotaram uma série de ações que desencadeou o processo de domesticação em plantas. As primeiras ações práticas consistiram de coleta, armazenamento e plantio das sementes guardadas com o intuito deliberado de plantar a próxima safra. Evidentemente, essa primeira sistematização não pode ser atribuída a uma súbita descoberta, mas muito mais ao desenvolvimento de uma "metodologia", iniciada e amadurecida por nossos ancestrais, de forma independente, em diversas partes do mundo que até então conhecido (HARLAN, 1975). O conhecimento de quando e aonde os primórdios do melhoramento genético de plantas ocorreram é baseado em evidências arqueológicas. Os primeiros esforços, nesse sentido, provavelmente aconteceram em algum lugar do sudeste da Ásia e culminou na domesticação de algumas espécies, de forma que por volta de 10000 A. C. já existia um conhecimento acumulado em várias espécies, destacando-se: arroz, ervilha, feijões e possivelmente soja (STOSKOPF et. al., 1993). Entretanto, o conhecimento científico da hibridação de plantas e estudos de progênes ocorreu no final do século XIX - início do século XX- com o estabelecimento da genética mendeliana. Assim sendo, todo processo de melhoramento genético até Gregor Mendel era feito com eficiência e eficácia por agricultores que não dominavam a biometria ou a genética molecular, mas que por conhecerem intimamente suas plantas foram capazes de desenvolverem não somente cultivares produtivos, mas também mantiveram a variabilidade genética e a biodiversidade (WEID & SOARES, 1998).

No semi-árido nordestino, o manejo da biodiversidade é o principal pilar da sustentabilidade da agricultura familiar. Alguns fatores determinam a opção pela

diversificação. A produção está voltada tanto para o abastecimento alimentar da família e dos animais, quanto para geração de excedentes para comercialização. Esta lógica privilegia sistemas de policultivos associados à criação de várias espécies de animais, estabelecendo uma interdependência entre os diferentes sub-sistemas. Esta organização técnica conduz, necessariamente, a diversificação de espécies manejadas, resultando em diferentes tipos de cultivo com diferentes arranjos, dentro da mesma unidade. A tradição das famílias rurais do semi-árido nordestino de produzir e guardar sua própria semente em casa tem se consolidado, ao longo das décadas através das práticas de conservação da diversidade agrícola, i.e. adaptação e seleção de materiais, troca e experimentação de recursos genéticos (ALMEIDA & CORDEIRO, 2002).

O melhoramento genético participativo (MGP), que é um componente do manejo da diversidade genética, começou a ser delineado no início dos anos 80's e apresenta, como ingrediente fundamental, a inclusão sistemática dos conhecimentos, habilidades, experiências, práticas e preferências dos agricultores (MACHADO et al., 2002). Essa modalidade de melhoramento baseia-se nos conhecimentos da genética convencional, fisiologia e economia, combinando-os com os da antropologia, sociologia, conhecimento dos produtores e com os princípios desenvolvimento de produtos (EYZAGUIRRE & IWANAGA, 1996; SOLERI & SMITH, 2002). O MGP possui múltiplos objetivos, sendo esses mais amplos que aqueles que regem o melhoramento formal. Tem como metas o ganho de produtividade (comum ao melhoramento convencional), a conservação e promoção do aumento da biodiversidade (criação da variabilidade genética), obtenção e uso de germoplasma de adaptação local (variedades locais), seleção dentro de populações, avaliação experimental de variedades (seleção participativa de variedades), lançamento e divulgação de novas variedades, diversificação do sistema produtivo e produção de sementes. A organização é totalmente descentralizada, o trabalho é desenvolvido com grupos de produtores e/ou comunidades rurais, podendo ou não haver o lançamento formal de variedades (SPERLING et al., 2001; MACHADO et al., 2002).

Considerando-se a ineficiência da agricultura de mercado em promover o desenvolvimento rural sustentável em ambientes adversos e principalmente em conservar a biodiversidade ainda existente nas comunidades rurais, chegou-se a conclusão que a participação dos agricultores nos programas de melhoramento genético era essencial e que sem esta participação os programas de melhoramento desenhados para ambientes, onde a pequena agricultura é dominante, seria na maioria dos casos condenados ao fracasso (ALMENKINDER & ELINGS, 2001).

O objetivo desta revisão é mostrar que os conhecimentos de seleção e de genética quantitativa podem e devem ser adequados às estratégias de seleção e ao melhoramento genético participativo de plantas, bem como demonstrar que os conceitos de herdabilidade e resposta à seleção são correlacionados aos ambientes nos quais foram estimados, e que o uso de modelos estatísticos adequados aumenta a possibilidade de efetuar a seleção de genótipos sem a perda da variância genética e da biodiversidade.

A escolha do tema não traduz mero diletantismo acadêmico, pois se associa ao objetivo explicitado a estratégia de apontar as possibilidades de estreitar uma relação sinérgica entre a evolução do conhecimento científico e do saber popular, bem como de sua necessária integração, vinculado, portanto, a uma das proeminentes propostas da agroecologia (EMBRAPA, 2006) de “gerar conhecimentos e métodos inovadores e estratégias de recontextualização entre conhecimentos acumulados ao longo do tempo e a geração de novos conhecimentos”.

Alinhada a esta linha de reflexão, o estudo se divide em duas partes. Na primeira, se faz um mergulho na literatura que mostra a possibilidade de adequação da teoria genética quantitativa ao Melhoramento Genético Participativo (MGP) focando, de início,

considerações teóricas sobre a seleção direta e indireta para em seguida destacar pontos relevantes da interação genótipo x ambiente. Na segunda parte, orientado no mesmo percurso metodológico, o estudo apresenta resultados aplicados ao MGP, destacando três pontos principais: resposta à seleção direta (herdabilidade e GxA); respostas à seleção indireta, herdabilidade estimada diretamente do campo dos agricultores. O trabalho se encerra com algumas considerações finais.

Adequação da Teoria da Genética Quantitativa ao MGP

Seleção artificial direta e indireta

As pressuposições para que o progresso genético seja obtido através do melhoramento de plantas, seja ele formal ou participativo, estão definidas na teoria de seleção (WRICKE & WEBER, 1986; FALCONER & MACKAY, 1996). O processo de seleção, aonde um grupo de indivíduos serão usados em um programa de melhoramento denomina-se de seleção artificial. Em populações alógamas e heterogêneas, o uso da seleção artificial é virtualmente coroado de sucesso, pois a média da população (μ) submetida ao processo de seleção é mudada em cada geração na direção previamente determinada pelo melhorista; desde que a população não tenha sido, anteriormente submetida a um longo processo de seleção natural para o(s) caracter(s) de interesse. De uma maneira geral, tanto em plantas como em animais a maioria dos caracteres respondem a pressão de seleção; desde que exista variação genética.

Em um famoso experimento iniciado em 1986, na Universidade de Illinois (DUDLEY & LAMBERT, 1992) para teores de óleo contido nas sementes milho, observou-se que tanto a seleção para alto como para baixo teor de óleo foi persistente para mais de 80 gerações de seleção. Por outro lado, a média fenotípica da população não será mudada, através da seleção artificial, em populações geneticamente uniforme, devido a ausência de variabilidade genética. Portanto, quando praticada dentro de linhas homozigóticas, a seleção artificial consistentemente resulta em fracasso. Em populações homozigóticas, as fontes de variação genética são derivadas de mutações e/ou de cruzamentos realizados entre elas.

Um aspecto importante na seleção de plantas é a determinação do coeficiente de correlação entre os diferentes caracteres, antes de desenhar-se um programa de seleção melhoramento genético de plantas (ARAUJO & COULMAN, 2004). Características agronômicas complexas, por exemplo, a produção de grãos e de matéria seca tem sua herança genética controlada quantitativamente e são influenciados, tanto por efeitos genéticos como por efeitos devido a interação do genótipo com o ambiente. Na maioria dos casos um caráter complexo pode não ser o melhor critério de seleção. Para os melhoristas de plantas a razão principal em estudar a relação existente entre dois caracteres é estimar a mudança observada em uma determinada característica quando seleção é conduzida em outro caractere. A correlação existente entre dois caracteres que pode ser diretamente observada é denominada correlação dos valores fenotípicos. Esta correlação é a consequência de dois fatores: 1) a expressão dos dois caracteres pode ser modificada pelos mesmos fatores ambientais operando dentro dos diferentes indivíduos e 2) através da associação genética existente entre os diferentes caracteres. Este último tipo de associação é ocasionado através de dois mecanismos: 1) por uma complexidade de fatores bioquímicos, aonde um único gene pode influenciar vários caracteres, um fenômeno conhecido como pleiotropia, e 2) o desequilíbrio gamético entre os genes afeta diversos caracteres, i.e. a tendência existente de alguns genes serem positivamente ou negativamente associados em uma população. Assim sendo se uma correlação genética existe, a seleção em um caráter causará mudança no outro (ARAUJO, 2001).

Desta forma, se uma correlação genética existe entre dois caracteres, é possível alcançar progresso de seleção mais rapidamente, trabalhando em um caractere secundário, porém mais

simples i.e. altura da planta, do que praticando seleção em caráter complexo, controlado por um grande número de genes, por exemplo, a produção de grãos e de forragem. De uma maneira geral, o caractere secundário (altura de plantas, altura de espiga, número de espigas por planta, número de vagens, etc) é menos complexo do que o caráter principal e em alguns casos também de fácil mensuração.

Interação genótipo x ambiente (G x A)

Ao se avaliar um determinado número de genótipos em diversos ambientes contrastantes (favoráveis e desfavoráveis) é possível identificar as seguintes situações: 1) genótipos de alta produtividade, com baixa ou alta interação G x A; 2) genótipos com baixa produtividade com interações G x A alta ou baixa. Geralmente, a combinação formada por genótipos com alta produtividade e baixa interação tem sido a preferida pelos melhoristas, pois desta forma o cultivar (variedade) é capaz de expressar o potencial genotípico em uma diversidade de condições ambientais. Os genótipos que apresentam alta produtividade e uma alta interação G x A assim como aqueles que apresentam baixa produtividade e baixa interação G x A são considerados como adaptados a ambientes específicos (CECCARELLI, 1989), como é o caso dos ambientes do semi-árido nordestino.

Entretanto, a interação G x A torna-se realmente importante quando as posições (ranking) dos cultivares (variedades) mudam de acordo com o ambiente testado (BAKER, 1989). Este tipo de interação, denominada de 'cross-over', tem uma enorme influência, na magnitude de resposta à seleção em qualquer programa de melhoramento. É a interação 'cross-over' a causa fundamental da dificuldade em escolher ambientes de seleções capazes de proporcionarem respostas positivas no desempenho dos genótipos, tendo como consequência uma grande influência no estabelecimento de programas de melhoramento genético em ambientes de condições desfavoráveis (CECCARELLI, 1994). Em decorrência de tais problemas, a maioria dos melhoristas de plantas conduz seus programas em ótimas condições ambientais (condições essas preconizadas pelo modelo da revolução verde, tais como: altos teores de adubação, uso de agroquímicos irrigação, etc), assim sendo "a previsibilidade e a quantificação da ocorrência da interação G x A são os fatores importantes para qualquer programa que vise explorar a variação para adaptação específica ou para manter biodiversidade através de conservação *in situ*" (CECCARELLI, 1996; CECCARELLI et al., 1996; EYZAGUIRRE & IWANGA, 1996).

Esta postura adotada, não apenas pelos melhoristas, de conduzir os experimentos em ótimas condições ambientais, separando homem e natureza, é reflexo da persistente herança do paradigma cartesiano que estabeleceu uma nítida separação entre as ciências humanas e as ciências exatas, nas quais se incluem a agronomia, veterinária, zootecnia, etc... (CAPORAL, et al, 2006). Tal postura, diga-se, tem norteado os que postulam uma crença nos poderes ilimitados do progresso. Esta visão, se de um lado anuncia os grandes feitos das ciências, de outro, tenta relativizar, ou mesmo esconder os males daí decorrentes, cujo maior emblema é o agravamento da questão ambiental, sem desmerecer as graves disparidades entre regiões e entre seres humanos.

Resultados Aplicados ao MGP

Resposta à seleção direta: Herdabilidade e G x A

Vários autores (ATLIN & FREI, 1990; UD-DIN et al. 1992; BANZINGER et al., 1997), têm reportado que estimativas de variância genética e herdabilidade, especialmente de grãos, são relativamente baixas quando estimadas em ambiente adversos. VAN EEUWIJK et al. (2001) argumentaram que estas baixas estimativas devem-se, na maioria dos casos, ao uso de modelos estatísticos incompletos. CECCARELLI (1989) reportou estimativa de

herdabilidade no sentido amplo (H) para produção de grãos em cevada em experimentos conduzidos em ambientes estressantes variando de 44,7%-50,6%. Da mesma forma, SOLERI & SMITH (2002) reportaram estimativas de H, para produção de grãos em milho de 47%. Apesar das evidências reportadas por CECCARELLI (1989) e SOLERI & SMITH (2002), a maioria dos melhoristas afirmam que o uso de estimativas de parâmetros genéticos obtidos em ambiente de baixo uso de insumos implica que o progresso genético é potencialmente menor que em ambientes de alta produtividade. Entretanto, a maximização do progresso genético tem sido sempre conectada ao uso de *inputs* e, assim, os melhoristas têm focalizado esforços em pesquisa genética que faça uso de insumos que melhorem condições ambientais, tais como: nitrogênio, agro-químicos, irrigação, etc. influenciando, por essa via a determinação da variância fenotípica.

Mesmo quando o ambiente desfavorável é o alvo do programa de melhoramento, de uma maneira geral, os melhoristas têm preferido conduzir as fases iniciais do processo em campos experimentais agronomicamente bem manejado: adubado, irrigado, aplicado herbicida, etc; devido ao fato que nestas condições a variância genética e herdabilidade são elevadas (SIMMONDS, 1991). Esse caminho pelo qual vem optando a pesquisa agrícola, desde há muito e que desconsidera as condições e os conhecimentos locais, tem atravessado todas as fases do desenvolvimento rural. “Nos centros de pesquisa onde foi formulado o pacote tecnológico agrícola da Revolução Verde as prioridades foram definidas sob a influência de interesses das corporações e do setor agroindustrial, privilegiando métodos, cujos critérios de validade e utilidade restringiram-se a situações de laboratório (KLOPPENBUG, 1991; BUSH & LACY, 1983; BUTTEL, LARSO GILLESPIE, 1990)¹.

Quando somente as fases finais da avaliação do germoplasma são conduzidas em propriedades rurais, a variância genética tem sido bastante reduzida pelo processo de seleção praticado previamente; portanto, qualquer seleção efetuada nas condições dos produtores apresenta respostas à seleção que às vezes podem ser negativas. Foi demonstrado por CECCARELLI (1989), que quando a seleção é realizada em um ambiente de não estresse a resposta genética no mesmo tipo de ambiente é positiva e significativa, enquanto que a resposta a seleção em ambiente estressante foi $R = 0$. Por outro lado, quando a seleção foi realizada em ambiente de severo estresse a resposta a seleção no mesmo tipo de ambiente foi de $R = 117$, enquanto que em ambiente favorável a resposta a seleção não foi possível de ser calculada, mesmo com uma herdabilidade (H) estimada em 95%. Em um estudo mais recente (CECCARELLI et al., 1996), realizado pelo programa de melhoramento de cevada do ICARDA², comprovou-se que é perfeitamente possível alcançar progresso genético efetuando-se seleção em condições desfavoráveis, e que uma grande quantidade de variabilidade genética seria perdida se o programa tivesse sido conduzido em condições favoráveis. Conclui-se então que “não é a magnitude relativa da herdabilidade estimada que determina o melhor ambiente para seleção, e sim a performance dos genótipos no ambiente (CECCARELLI, 1989; CECCARELLI et al., 1996)”.

O melhoramento de plantas (formal e ou institucional) tem sido altamente eficiente em melhorar o nível de produtividade em várias culturas, em diversas partes do planeta, entretanto, a sua eficiência tem permanecido, na maioria dos casos, confinada aos ambientes favoráveis ou naqueles que são modificados pela adição de fertilizantes, irrigação e pelo controle químico de ervas, doenças e pestes. Por exemplo, no Brasil a agricultura familiar reagrupa cerca de 6,5 milhões de unidades de produção agropecuária, sendo mais da metade localizada na Região Nordeste (FAO, 1996). No Nordeste brasileiro, a agricultura familiar subsiste no contexto das rupturas e dos limites ecológicos, econômicos, técnicos, sociais e políticos do modelo dominante (SABOURIN & CARON, 2003), ocupando, freqüentemente,

¹ Citados por Guivant, 1997.

² International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA).

os espaços geográficos e econômicos “desprezados” pelos grandes proprietários e empresas. Mesmo assim, a agricultura familiar representa uma parte significativa da população nordestina, aproximadamente três milhões de famílias, ou seja, 40% das unidades agrícolas de todo o Brasil (FAO, 1996). Apesar de sua importância demográfica e econômica as unidades de produção familiar nordestina não têm reconhecidos seus direitos, tão pouco têm sido contempladas com os benefícios derivados da Revolução Verde. É muito recente a valorização da agricultura familiar como estratégica para um modelo de desenvolvimento sustentável. O seu reconhecimento como ator que pode alavancar um modelo de desenvolvimento social e ambientalmente equilibrado se dá a partir da primeira década de 1990 e somente a partir de 1994, quando se instituiu o Programa Nacional da Agricultura Familiar é que este segmento passou a ser contemplado por parte de organismos que fomentam o desenvolvimento rural. Esta situação tem sido uma constante não somente no semi-árido nordestino, mas também no diversos ambientes desfavoráveis do nosso planeta (CECCARELLI et al. 1996).

Alguns autores (ATLIN & FREY, 1989, 1990; ATLIN et al., 2001), têm sugerido que o conceito de correlação genética pode ser aplicado a solução de problemas relacionados com a interação do G x A. De acordo com esta teoria, o caractere (produção de forragem, por exemplo) a ser observado em dois ambientes diferentes poderá ser considerado não apenas como um único caractere mas como dois diferentes caracteres. Desta forma, pode-se estimar a correlação genética entre ambos e conjuntamente com as herdabilidades individuais, poderíamos resolver a questão de praticar seleção em um ambiente e recomendarmos o material para outro ambiente. Entretanto, na prática a teoria não tem funcionado. Assim, devemos verificar os motivos pelo quais o modelo de correlação genética não tem muita credibilidade quando se trata de experimentos reais. Vejamos, a resposta fenotípica é acomodada da seguinte forma; se por um lado, existe um grupo de gens que consistentemente conseguem se expressar em toda e qualquer condição ambiental, eles são responsáveis pela variância genética (V_G) existem outro grupo de gen que é capaz de ser expresso em apenas 01 ambiente, seu comportamento é então descrito como V_{GA} (interação genótipo x ambiente), são estes gens específicos que corroboram para a correlação não ser perfeita. Outro problema importante é o fato de que geralmente os melhoristas assumem que os efeitos atribuídos ao genótipo como também aqueles atribuídos à interação G x A são normalmente distribuídos com média zero e variância V_G e V_{GA} , respectivamente. Este tipo de estrutura modelar assume que a variância genética é constante independente do ambiente estudado. É devido a estas razões que a correlação genética entre ambientes favoráveis e desfavoráveis teoricamente deveria ser alta, porém não o é, além do que se espera que a variância genética seja independente das condições de estresse ambiental. Torna-se, portanto obvio que correlação uniforme só existirá em ambientes similares, e que o MGP deve ser uma estratégia preferida quando não existir uma correlação entre os ambientes, como também uma correlação genética altamente significativa (CECCARELI, 1996).

VAN EEUWIJK et al. (2001), em um trabalho bastante elegante, propuseram a necessidade de modelos mais elaborados, com a variância genética sendo típica para cada ambiente j e a covariância genética também típica para cada par de ambientes, j e j' . O modelo proposto denominado não estruturado pode ser apropriado quando existem diferenças entre blocos de genes que são responsáveis pelo desempenho em cada ambiente de teste. Normalmente, existe uma série comum de genes que conseguem se expressar até um certo grau em todos os ambientes, causando com isto que as correlações genéticas sejam positivas. Em adição a esta série de genes que consegue expressar-se em todos (ou na maioria) dos ambientes, existem outras séries de genes que são específicos, para cada ambiente e que são necessários para uma adaptação específica, neste caso poderemos ter o aparecimento de correlações genéticas negativas entre os ambientes. Por exemplo, se um gene é importante em

determinar tempo de floração e os alelos determinam a condição para floração precoce e tardia; no caso de estresse de seca o alelo para precocidade irá se manifestar e vice-versa para condição normal de chuva; o mesmo raciocínio é válido para outros caracteres: resistência e pragas e doenças, etc. Desta forma, alguns experimentos conduzidos em locais denominados adversos e que apresentam uma alta frequência de diferenças não significativas entre os genótipos ($P > 0,05$) e ou um alto grau de coeficiente de variação pode ser pelo uso de um modelo estatístico ineficiente ou simplista. Estes resultados não demonstram de forma alguma que a variância genética não está presente no germoplasma em estudo, mas indicam que se a variabilidade genética existe, será difícil de detectar sem um melhor entendimento das causas reais da interação G x A (BANZINGER & COOPER, 2001).

Respostas à seleção indireta

Agricultores ao selecionar suas culturas para um melhor desempenho nas suas condições ambientais têm usado de forma consciente seleção para caráter secundário, como critério de seleção. Por exemplo, selecionar genótipos de cereais usando como critério plantas que apresentem folhas de aparência túrgida e com um menor grau de enrolamento, durante um período de estresse hídrico assegura que os genótipos desta forma selecionados apresentarão uma maior resistência à seca e ou a períodos de déficit hídrico.

O ICARDA, em cevada, (VAN EEUWIJK et al. 2001) para 10 locais sugere que, na maioria dos casos, a seleção deverá ser realizada no ambiente para o qual as cultivares serão usadas. Estes resultados estão em conformidade com os apresentados por (CECCARELLI 1989; CECCARELLI, 1996; CECCARELLI et al., 1996; EYZAGUIRRE & IWANAGA, 1996).

Herdabilidade estimada diretamente dos campos dos agricultores.

Tipicamente, a herdabilidade é estimada em plantas através da avaliação de progênies e ou clones com relação genética conhecida. NYQUIST (1991) indicou que o tempo e custos envolvidos na determinação destas estimativas eram elevados e, em alguns casos injustificados. Em MGP onde se tem várias espécies envolvidas e ambientes específicos, estimar a herdabilidade através de metodologias tradicionais da genética quantitativa (famílias, clones, etc) torna seu custo altamente proibitivo. Recentemente, (SMITH et al., 1998; SOLERI & SMITH, 2002) desenvolveram uma metodologia para estimar herdabilidade, no sentido amplo, (H), na qual as informações necessárias são obtidas diretamente do material genético plantados pelos produtores.

SOLERI & SMITH (2002) usando metodologia acima descrita, em três áreas reportaram herdabilidade para 09 caracteres. As herdabilidades estimadas por estes autores para altura de planta, altura de espiga, comprimento e diâmetro da espiga e produção de grãos estão em concordância como as estimativas encontradas na literatura e com as classes sugeridas por HALLAUER & MIRANDA (1981).

A utilidade da herdabilidade depende da forma como ela é estimada e o uso das estimativas, por exemplo, inclusão da interação G x A, no numerador, quando da estimação de H, representa um viés para cima (NYQUIST, 1991; ARAUJO, 2001). Entretanto, caso a seleção do material genético seja executada no(s) ambiente(s) aonde os parâmetros foram estimados a presença da interação não afetará a utilidade da estimativa.

Tipicamente, estimativas de herdabilidade em plantas são obtidas através da avaliação do material genético em experimentos, nos quais a relação genética das populações avaliadas/testadas são conhecidas. Muitas das vezes, o tempo e o custo financeiro para produzir as estimativas, via métodos convencionais são proibitivos. SOLERI & SMITH (2002), em trabalho que envolvia a estimação de herdabilidade, usando métodos convencionais (famílias de meio-irmãos) e uma metodologia que utilizava dados coletados

diretamente do campo dos agricultores, reportaram que enquanto no método convencional foram necessários 39,5 homens/dia na condução dos experimentos na metodologia participativa o gasto foi apenas cinco homens/dia.

Considerações Finais

A literatura temática referenciada neste estudo mostrou que o melhoramento focado para ambientes desfavoráveis, como o do semi-árido nordestino implica em ofertar novas cultivares e ou variedades capazes de aumentar a sustentabilidade do ecossistema. Assim sendo, pode-se indicar este tipo de melhoramento como um processo sustentável capaz de adaptar novos genótipos ao ambiente em vez de alterá-lo, adicionando insumos externos, para receber os novos genótipos.

Reconhece-se que a chave para que o aumento de produtividade ocorra, com o mínimo possível de insumos externos, é a necessidade de reavaliar e identificar ambientes adequados para seleção e para o teste de novos materiais genéticos. Isto é possível com a incorporação dos agricultores como co-pesquisadores; de uma visão positiva sobre a interação do genótipo com o ambiente, em contra-ponto a crença comum que a introdução de insumos externos é essencial para avaliação e seleção de novos cultivares e ou variedades.

Melhoristas de uma maneira geral têm uma visão tecnicista de seu trabalho e são entusiasmados quando a pesquisa abre novas portas para serem seguidas. Muitas novas oportunidades e desafios são oferecidos quando os agricultores são ativamente incorporados ao processo de melhoramento. Portanto a aproximação dos conhecimentos científicos com os conhecimentos dos agricultores acarretará em um aumento não só de produtividade mas também de maximização da biodiversidade.

Certamente a aliança entre os agricultores e os programas de melhoramento da ciência agropecuária estimulará o trabalho dos melhoristas desse campo de conhecimento tanto pelo uso da diversidade genética existente nas comunidades rurais, como também pela oportunidade que os melhoristas terão de entender o modo com que as comunidades tratam problemas complexos de herança genética e de arquitetura de plantas que são altamente valorizadas pelos agricultores do semi-árido nordestino.

A “construção de horizontes sustentáveis” no mundo rural pressupõe esta aproximação entre os saberes dos cientistas e os saberes dos agricultores. Há que se reconhecer como bem acentua GUIVANT (1997) que “a marginalização e a erosão dos conhecimentos dos agricultores familiares, especialmente nos países menos desenvolvidos, têm sido identificadas entre as várias conseqüências negativas ocasionadas pela difusão internacional no período pós- guerra das práticas e técnicas agrícolas modernas”.

Referências Bibliográficas

- ALMEKINDERS, C.J.M.; ELLINGS, A. Colaboration of farmers and breeders: Participatory crop improvement in perspective. **Euphytica**, v. 122, p.425-438, 2001.
- ALMEIDA, P.; CORDEIRO, A. **Semente da paixão**: estratégia comunitária de conservação de variedades locais no semi-árido. Rio de Janeiro: AS-PTA, 2002, 72p.
- ARAUJO, M. R. A. de; COULMAN, B. E. Genetic variation and correlation of agronomic traits in meadow brome grass (*Bromus riparius* Rhem) clones. **Ciência Rural**, v.34, p.505-510, 2004.
- ARAUJO, M. R. A. de. **Genetic variation and heritability in meadow brome grass (*Bromus riparius* Rhem)**. Saskatoon – Canadá, 2001. 131p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). University of Saskatchewan – Canadá, 2001.
- ATLIN, G.N; COOPER, M.; BJORNSTAD, A. A comparison of formal and participatory breeding approaches using selection theory. **Euphytica**, v. 122, p.463-475, 2001.

- ATLIN, G.N.; FREY K.J. Selecting oat lines for yield in low productivity environments. **Crop Science**, v. 30, p. 556-561. 1990.
- ATLIN, G.N.; FREY, K.J. Breeding crop varieties for low-input agriculture. **American Journal of Alternative Agriculture**, v. 4, p.53-57, 1989.
- BAKER, R.J. Differential response to environmental stress. In. B.S. Weir, E.J. Eisen, M.M. Goodman and G. Namkoong (Eds), Proc. 2nd. Int. Conference on Quantitative Genetics, p.492-504. Sinauer Associates, Inc. Sunderland Massachusetts, USA.
- BANZIGER, M.; COOPER, M. Breeding for low input conditions and consequences for participatory plant breeding: Examples from tropical maize and wheat. **Euphytica**, v. 122, p.503-519, 2001.
- BANZIGER, M.; BETRAN, F.J.; LAFITTE, H.R. Efficiency of high-nitrogen selection environments for improving maize for low-nitrogen target environments. **Crop Science**, v.37, p.1103-1109, 1997.
- CAPORAL, F. R.; COSTABEBER, J. A.; PAULUS, G. Agroecologia: matriz disciplinar ou novo paradigma para o desenvolvimento rural sustentável. Brasília, DF. <http://www.pronaf.gov.br/dater/arquivos/0730211626.pdf>. Acesso em 15.07.2007
- CECCARELLI, S. Specific adaptations and breeding for marginal conditions. **Euphytica**, v. 77, p.205-219, 1994.
- CECCARELLI, S. Positive interpretation of genotype by environment interaction in relation to sustainability and biodiversity. In: M. Cooper & G. L. Hammer (Eds.). Plant adaptation and crop improvement. p 467-486. CAB International, Wallingford. England. 1996
- CECCARELLI, S. Wide adaptation: How wide?. **Euphytica**, v. 40, p.197-205, 1989.
- CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; BOOTH, R.H. International breeding programmes and resource-poor farmers: Crop improvement in difficult environments. In: P. Eyzaguirre and M. Iwanaga (Eds), Proceedings of a workshop on participatory plant breeding, p.99-116. 26-29 July 1995, Wageningen, The Netherlands, IPGRI, Rome, Italy. 1996.
- DUDLEY, J.W.; LAMBERT, J.R. Ninety generations of selection for oil and protein content in maize. **Maydica**, v.37, p.1-7. 1992.
- EMBRAPA. Marco referencial em agroecologia/Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2006.
- EYZAGUIRRE, P.; IWANAGA, M. Farmers' contribution to maintaining genetic diversity in crops, and its role within the total genetic resources system. In: P. Eyzaguirre and M. Iwanaga (Eds), Proceedings of a workshop on participatory plant breeding, p.9-18. 26-29 July 1995, Wageningen, The Netherlands, IPGRI, Rome, Italy. 1996.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. Essex: Group Ltd. Harlow, 1996, 465p.
- FAO. **Perfil da agricultura brasileira (dados do censo agropecuário do IBGE/ 1985)**. Brasileiro: Fao, Incra, 1996. 17 p.
- GUIVAN, J. S. A heterogeneidade de conhecimentos no desenvolvimento rural sustentável. Brasília, DF: Embrapa, Cadernos de Ciência e Tecnologia, v.14, n.3, SET/DEZ 1997: pp 411-448.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FO., J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 1st ed. Iowa State University Press. Ames, IA, 1981, 468p.
- HARLAN, J.R. **Crops and man**. American Society of Agronomy Publication, Madison, Wisconsin. 1975, 295p.
- MACHADO, A.T.; MACHADO C.T.T.; COELHO, C.H.M.; ARCANJO, J.N. **Manejo da diversidade genética do milho e melhoramento participativo em comunidades agrícolas no estados do Rio de Janeiro e Espírito Santo**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2002. 22p. (Embrapa Cerrados. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 22).

- NYQUIST, W. E. Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. **Critical Reviews in Plant Science**, v.10, p. 235-322, 1991.
- SABOURIN, E.; CARON, P. Origem e evolução da agricultura familiar no Nordeste semi-árido. In: CARON, P.; SABOURIN, E. (Eds.) **Camponeses do Sertão: mutação das agriculturas familiares no Nordeste do Brasil**. Brasília: EMBRAPA, 2003, p. 29-45.
- SIMMONDS, N. W. Selection for local adaptation in a plant breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, v.82, p.363-367, 1991.
- SMITH, S.E.; KUEHL, R.O.; RAY, I.M., HUI, R.; SOLERI, D. 1998. Evaluation of simple methods for estimating broad-sense heritability in stands of randomly planted genotypes. **Crop Science**, v.38, p.1125-1129.
- SOLERI, D.; SMITH, S.E. Rapid estimation of broad sense heritability of farmer-managed maize population in the Central Valleys of Oaxaca, Mexico, and implication for improvement. **Euphytica**, v. 128, p.105-119, 2002.
- SPERLING, L.; ASHBY, J.A.; SMITH, S.E.; WELTZIEN, E.; MCGUIRE, S. A framework for analyzing participatory plant breeding approaches and results. **Euphytica**, v. 122, p.439-450, 2001.
- STOSKOPF, N.C.; TOMES, D.T.; CHRISTIE, B.R. **Plant breeding: theory and practice**. Boulder: Westview Press, 1993, 531p.
- UD-DIN, N.; CARVER, B.F.; CLUTTER, A.C. Genetic analysis and selection for wheat yield in drought-stressed and irrigated environments. **Euphytica**, v.62, p.89-96.
- VAN EEUWIJK, F.A.; COOPER, M; DELACY, I.H.; CECCARELLI, S.; GRANDO. Some vocabulary and grammar for the analysis of multi-environment trials, as applied to the analysis of FPB and PPB trials. **Euphytica**, v. 122, p.477-490, 2001.
- WEID, J.M., von der; SOARES, A.C. Relação entre agricultura e biodiversidade. In: SOARES, A.C.; MACHADO, A.T.; SILVA, B. de M.; WEID, J.M. von der (Org). **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. p. 3-7
- WRICKE, G.; WEBER, W.E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: Walter de Gruyter, 1986, 406p.