



CADERNOS DE ANÁLISE E PROSPETIVA

CULTIVAR

N.30 | abril 2024 | Melhoramento e técnicas genómicas

CULTIVAR
Cadernos de Análise e Prospetiva

CULTIVAR

Cadernos de análise e prospetiva®

N.º 30 | Melhoria e técnicas genómicas | abril de 2024

Propriedade:

Gabinete de Planeamento, Políticas e Administração Geral (GPP)

Praça do Comércio, 1149-010 Lisboa

Telefone: + 351 213 234 600

e-mail: geral@gpp.pt | website: www.gpp.pt

Equipa editorial:

Coordenação: Ana Sofia Sampaio, Bruno Dimas, Eduardo Diniz

Ana Filipe Morais, Ana Rita Moura, António Cerca Miguel, João Paulo Marques, Mafalda Gaspar, Manuel Loureiro,

Pedro Castro Rego, Rui Trindade

e-mail: cultivar@gpp.pt

Colaboraram neste número:

Ana Almeida, Ana Maria Barata, Ana Sofia Bagulho, Ana Teresa Silva, Ana Usié, António Manuel Cordeiro, Armindo Costa, Benvindo Maças, Carina Barcelos, Carla Inês, Carlos Gaspar, Carlota Vaz Patto, Carolina Bruno de Sousa, Carolina Carvalho, Catarina Ginja, Cátia Nunes, Claire Robinson, Conceição Gomes, Cristina Santos, Cristina Vasques, Fernanda Simões, Filipe Costa e Silva, Filomena Rocha, Graça Pereira, Isabel Carrasquinho, Isabel Duarte, Isabel Silva, João Pacheco, João Paulo Carneiro, Jorge Canhoto, José Alexandre Araújo, José Manuel Rodrigues, José Pragana, Lanka Horstink, Liliana Marum, Luís Leal, Madalena Vaz, Manuela Meneses, Margarida Mendes Silva, Maria Carlota Vaz Patto, Maria João Madureira, Michael Antoniou, Nuno Pinheiro, Nuno Simões, Paula Carvalho, Octávio Serra, Pedro Fevereiro, Pedro Pereira Dias, Pedro Teixeira, Susana Carneiro, Rita Costa, Rita Lourenço Costa, Teresa Carita, Teresa Carvalho, Violeta Lopes

Edições anteriores: <https://www.gpp.pt/index.php/publicacoes-gpp/cultivar-cadernos-de-analise-e-prospetiva>

Edição: Gabinete de Planeamento, Políticas e Administração Geral (GPP)

Execução gráfica e acabamento: Sersilito – Empresa Gráfica, Lda.

Tiragem: 1 000 exemplares

ISSN: 2183-5624

Depósito Legal: 394697/15

CULTIVAR

Cadernos de Análise e Prospetiva

N.º 30 › abril de 2024

Melhoramento e técnicas genómicas

Índice

7/10 | EDITORIAL

SECÇÃO I – GRANDES TENDÊNCIAS

13/24 | A IMPORTÂNCIA DA (BIO)TECNOLOGIA PARA A SUSTENTABILIDADE DOS SISTEMAS ALIMENTARES

AS NOVAS TÉCNICAS GENÓMICAS NO QUADRO DAS POLÍTICAS PÚBLICAS EUROPEIAS E INTERNACIONAIS

Eduardo Diniz, Cristina Vasques e Paula Carvalho

25/30 | AS NOVAS TÉCNICAS GENÓMICAS – INOVAÇÃO AO SERVIÇO DA AGRICULTURA E DO PLANETA

João Pacheco

31/37 | O MELHORAMENTO VEGETAL E AS TECNOLOGIAS DE BASE MOLECULAR, EM PARTICULAR A EDIÇÃO GENÓMICA

Pedro Fevereiro

39/52 | NOVAS TÉCNICAS GENÓMICAS: ALEGAÇÕES DUVIDOSAS EM MATÉRIA DE PRODUTIVIDADE, SUSTENTABILIDADE E SEGURANÇA

NEW GENOMIC TECHNIQUES: DUBIOUS CLAIMS ON PRODUCTIVITY, SUSTAINABILITY, AND SAFETY

Michael Antoniou e Claire Robinson

53/59 | VELHOS PROBLEMAS, NOVAS SOLUÇÕES: O POTENCIAL DAS NOVAS TÉCNICAS GENÓMICAS PARA A AGRICULTURA

Jorge Canhoto

SECÇÃO II – OBSERVATÓRIO

63/70 | TÉCNICAS GENÓMICAS: PRÓS E CONTRAS

ANSEME e Plataforma Transgénicos Fora

71/77 | CONTRIBUINDO PARA O MELHORAMENTO VEGETAL DE NOVA GERAÇÃO

Maria Carlota Vaz Patto

- 79/92** | BIODIVERSIDADE DOS ANIMAIS DOMÉSTICOS DA PENÍNSULA IBÉRICA:
UMA PERSPETIVA GENÓMICA
BIODIVERSITY OF IBERIAN FARM ANIMAL GENETIC RESOURCES: A GENOMICS PERSPECTIVE
Catarina Ginja e Carolina Bruno de Sousa
- 93/105** | O MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL
Manuel Loureiro (coord.), com contributos de Rita Lourenço Costa, José Alexandre Araújo, Susana Carneiro, Pedro Teixeira, Margarida Mendes Silva, Isabel Carrasquinho, Filipe Costa e Silva, Ana Usié, Liliana Marum, Luís Leal, Cristina Santos, Ana Almeida e José Manuel Rodrigues
- 107/112** | MELHORAMENTO GENÉTICO DE PLANTAS NO INIAV-ELVAS: OBTENÇÃO DE
VARIETADES
Benvindo Maçãs, Rita Costa, Teresa Carita, Graça Pereira, António Manuel Cordeiro, Ana Sofia Bagulho, Nuno Simões, João Paulo Carneiro, Carla Inês, Isabel Duarte, Fernanda Simões, Teresa Carvalho, Nuno Pinheiro, Conceição Gomes, Armindo Costa, Carina Barcelos, Manuela Meneses, Cátia Nunes e José Pragana
- 113/122** | A CONTRIBUIÇÃO DO BPGV PARA O DESENHO CONTEMPORÂNEO DA AGRICULTURA
E ALIMENTAÇÃO
Ana Maria Barata, Carlos Gaspar, Filomena Rocha, Isabel Silva, Madalena Vaz, Octávio Serra e Violeta Lopes

SECÇÃO III – LEITURAS

- 125/127** | AGROBIOTECH – ESTUDO DE APLICAÇÃO DA BIOTECNOLOGIA NA AGRICULTURA,
ALIMENTAÇÃO E FLORESTA EM PORTUGAL
Breve síntese do estudo da CAP e P-Bio com o mesmo nome, 2023, por João Marques
- 128/133** | NOVAS TÉCNICAS GENÓMICAS – REVISÃO DO ESTADO DE ARTE
Análise do relatório técnico New Genomic Techniques – State-of-art review, do JRC, 2021, por Ana Rita Moura e Carolina Carvalho
- 134/135** | CAPACIDADE DO SETOR DO MELHORAMENTO VEGETAL PARA ENFRENTAR OS
DESAFIOS DO ABASTECIMENTO ALIMENTAR
Breve síntese do relatório com o mesmo nome da associação espanhola Anove e do Institut Cerdà, 2023, por Manuel Loureiro
- 136/139** | SUSTENTABILIDADE NO MELHORAMENTO EM PRODUÇÃO BIOLÓGICA – MELHORAR
TODO O SISTEMA OU AJUSTAR ALGUNS GENES?
Breve síntese do relatório com o mesmo nome da IFOAM, 2023, por Ana Filipe Morais

Editorial

EDUARDO DINIZ

Diretor-geral do GPP

Como garantir simultaneamente o abastecimento alimentar da população mundial e os objetivos para a transição climática?

Em grande medida, a resposta está no aumento da produtividade¹, assente no desenvolvimento e na disseminação de inovações tecnológicas que possam gerar benefícios para os agentes do setor agroalimentar e toda a população em geral, procurando um equilíbrio económico, social e ambiental.

É neste contexto que na Cultivar N.º 30 propomos o tema *Melhoramento e técnicas genómicas*.

Com efeito, a história da agricultura é uma história de eficiência e introdução de tecnologias na gestão dos recursos naturais, solo, água e biodiversidade. Os desafios foram sendo diversos ao longo dos séculos, mas no essencial é permanentemente renovado o objetivo de alimentar em quantidade e qualidade todas as populações, preservando os recursos naturais.

O melhoramento vegetal e animal está na base deste desenvolvimento da agricultura, tendo os seus

métodos evoluído da tradicional seleção de espécies e variedades de plantas e animais para tecnologias genéticas sofisticadas.

Convém realçar que a biotecnologia é no essencial uma ferramenta, a par de outras tecnologias que a agricultura foi incorporando ao longo dos anos, em particular com a generalização do modelo químico-mecânico.

Assim, o melhoramento e as técnicas genómicas devem ser avaliados pelo uso que deles se retira e pelos impactos positivos ou negativos que lhes possam estar associados. A resistência à adoção de novas tecnologias (movimentos *luddistas*) é recorrente e baseada em motivações económicas, de justiça social, éticas ou emocionais, às quais tem de se dar atenção para entender quais os limites das próprias tecnologias, bem como a avaliação dos seus impactos.

O presente número da Cultivar procura promover o acesso ao conhecimento técnico e à opinião informada sobre este tema, para estimular o debate, confrontando interesses em presença, e assim contribuir

¹ Segundo a OCDE, a resposta para atingir simultaneamente as metas da fome zero e da redução de emissões implica que a produtividade agrícola média global teria de aumentar 28%, nesta década, o que corresponderia a um aumento da produtividade mais do dobro do que o da década anterior. (OCDE/FAO (2022), *OECD-FAO Agricultural Outlook*, OECD Agriculture statistics (database), <https://doi.org/10.1787/f1b0b29c-en>)



Cartaz, Roberto Araújo, Ministério da Economia – Direção Geral dos Serviços Agrícolas, 1955 (acervo do GPP)

para a definição de políticas públicas ajustadas para o uso e desenvolvimento das melhores práticas disponíveis na área do melhoramento e das técnicas genómicas.

Convém recordar que a introdução das Novas Técnicas Genómicas (NTG) é uma componente do Pacto Ecológico Europeu, enquanto resposta às ambições climáticas definidas pela União Europeia. Com efeito, a Estratégia do Prado ao Prato, um dos pilares do Pacto, inclui iniciativa legislativa para a regulação desta tecnologia, cujo debate está em curso nas instituições europeias, a nível quer político quer técnico. Interpretamos que, no quadro das ambições climáticas europeias, o aumento da produtividade agrícola é essencial e, para tal, sem o recurso às Novas Técnicas Genómicas será difícil cumprir as próprias metas do Pacto Ecológico Europeu.

O artigo de abertura desta edição procura equacionar os diversos aspetos do debate sobre estas matérias,

fazendo um enquadramento histórico do melhoramento no setor agrícola e tentando não só responder à pergunta que formulámos no início deste Editorial, mas também esclarecer qual o contributo da União Europeia para este desafio de um sistema alimentar sustentável.

João Pacheco, da Farm Europe, começa por estabelecer a definição e o potencial das NTG. Faz em seguida o enquadramento legal destas novas técnicas na União Europeia e esclarece algumas das razões que levaram à resistência da opinião pública em relação às técnicas genéticas, nomeadamente as consequências da possibilidade de “*utilização de genes exteriores à espécie*” em causa. Fala das possibilidades que as NTG abrem na proteção da saúde, do ambiente e do clima, em resposta a políticas já aprovadas pela União, ao mesmo tempo que poderão permitir a manutenção da competitividade de diversos setores em relação a parceiros de outros blocos mundiais onde certas exigências restritivas poderão ser menores. Não deixa, contudo, de referir os avisos da Comissão em termos de precaução e rotulagem, bem como certas restrições adicionais impostas pelo Parlamento Europeu, nomeadamente no que se refere a patentes.

O artigo de Pedro Fereiro, do Laboratório Colaborativo InnovPlantProtect, explica de que modo a história da humanidade está, desde o Neolítico, ligada à história da domesticação de plantas (e animais) e como esse processo conheceu desenvolvimentos imparáveis em tempos recentes. Esclarece que “*a ideia de que as variedades cultivadas são plantas ‘naturais’, no sentido de que existem com as suas características atuais na natureza é completamente errada*”, debruçando-se em seguida sobre os diversos mecanismos utilizados pelos seres humanos para obter variedades mais vantajosas, em especial as tecnologias genéticas descobertas desde meados do século XX. Nos desenvolvimentos atuais, destaca as técnicas que permitiram “*saber qual a característica que é controlada por uma determinada sequência genómica*”, bem como as possibilidades abertas pela ferramenta CRISPR-Cas9, que permite grande precisão, rapidez e simplicidade de atuação, ao mesmo tempo que é uma tecnologia relativamente

barata. Conclui, afirmando que *“temos o dever ético de utilizar as ferramentas modernas e cientificamente comprovadas para suprir as necessidades da humanidade.”*

Michael Antoniou e Claire Robinson, do King's College London e da GMWatch, respetivamente, afirmam que as culturas geneticamente modificadas do passado não cumpriram as suas promessas de aumento de produtividade e sustentabilidade e que as NTG também não o farão, apesar das alegações em contrário. Referem que, por um lado, não são forçosamente necessários aumentos de produtividade para alimentar uma população ainda crescente – mais importante seria, por exemplo, combater o desperdício alimentar – e que, por outro lado, grande parte das características que se pretende obter são omnigénicas, ou seja, dependem de mais do que um gene. Afirmam também: *“a genética é apenas parte da solução. Não basta concentrarmo-nos em características isoladas – são os sistemas agrícolas que dão sustentabilidade e resiliência.”* E alertam para consequências imprevistas para a saúde e o ambiente, ou mesmo a produtividade, dado que *“todos os genes funcionam integrados numa rede ou ecossistema (...) a alteração de apenas um gene pode ter impactos importantes na bioquímica de um organismo”*.

Jorge Canhoto, da Universidade de Coimbra, *“resume a longa jornada do melhoramento de plantas, elucidando os métodos empregados desde a domesticação até às modernas técnicas de edição de genes.”* Ao longo do artigo, esclarecem-se as diferentes fases deste percurso, do melhoramento convencional, passando pela descoberta científica das leis de Mendel e da evolução, às técnicas descobertas nos séculos XX e XXI de recombinação e edição genéticas. O autor recorda que *“embora o melhoramento clássico de plantas não envolva a manipulação direta dos genomas das plantas a nível molecular, ele resulta em mudanças genéticas nas populações de plantas ao longo do tempo.”* O objetivo é sempre o da obtenção de *“variedades de culturas com melhores características agronómicas, resiliência e produtividade”*, para garantir o abastecimento alimentar de uma população crescente e *“enfrentar desafios agrícolas prementes.”*

A abrir a secção Observatório, apresentamos duas visões de duas associações com características bem diferentes: a ANSEME, Associação Nacional dos Produtores e Comerciantes de Sementes, e a Plataforma Transgénicos Fora. Como fizemos já no passado, colocámos três perguntas para as quais pedimos respostas relativamente sucintas. As perspetivas são diversas e deixam matéria para reflexão: se, por um lado, estas novas tecnologias poderão permitir aumentos de produtividade e competitividade e a resolução de vários problemas que afetam atualmente não só o setor agrícola, mas também o planeta, é preciso, por outro lado, não deixar de ter em conta o importante princípio da precaução, muitas vezes descurado.

Maria Carlota Vaz Patto, do ITQB-NOVA, traça um breve panorama dos desenvolvimentos mais recentes do melhoramento vegetal, centrando-se depois no trabalho realizado no seu laboratório: *“O objetivo do PlantX é contribuir para um melhoramento mais rápido e eficiente de cereais e leguminosas, algumas das quais são NUC [culturas negligenciadas e subutilizadas] com importância social ou económica para o país.”* Para isso, fazem colheitas de germoplasma de variedades tradicionais ou recorrem a bancos existentes, em busca das características pretendidas: *“o aumento da produção, (...) a resistência a doenças e intempéries (como a seca), a qualidade nutricional, organolética e de processamento.”* Para obter tais características, recorrem a diversas abordagens inovadoras, que passam naturalmente também por ensaios de campo, e por uma *“colaboração multidisciplinar e participativa, envolvendo cidadãos, agricultores e diversos grupos de investigação nacionais”*.

Catarina Ginja e Carolina Sousa, do CIISA, falam dos meios e abordagens utilizados na gestão e conservação dos recursos genéticos das raças autóctones portuguesas e da grande biodiversidade que lhes está associada, e de como essas práticas são facilitadas por novas tecnologias recentemente desenvolvidas. Referem igualmente a história destas raças que, graças a essas novas técnicas, é agora possível traçar mais claramente, indicando ainda a respetiva distribuição geográfica e abundância relativa no nosso país. Relembra a necessidade de as instituições

estarem atentas à conservação destes importantes recursos e falam de projetos concretos, como o OPTI-BOV, que permite simultaneamente recolher conhecimento tradicional e gerar novo conhecimento sobre raças locais e não só, numa faixa considerável de território que, no caso deste projeto, vai desde África até ao Norte da Europa.

Manuel Loureiro, do GPP, coordena um artigo elaborado a partir dos contributos de diversas entidades, públicas e privadas, e investigadores que trabalham no melhoramento florestal em Portugal nas diversas fileiras relevantes: castanheiro (Rita Lourenço Costa, do INIAV); eucalipto (José Alexandre Araújo, do Raiz); pinheiro (Susana Carneiro, Pedro Teixeira e Margarida Mendes Silva, do Centro PINUS, e Isabel Carrasquinho, do INIAV); sobreiro (Filipe Costa e Silva, do ISA, e Ana Usié e Liliana Marum, do CEBAL); e ainda o projeto Melhoramento genético e materiais florestais de reprodução (Luís Leal, da Altri) e o PROGEN – Programa Operacional da Administração Pública para a Conservação e Melhoramento dos Recursos Genéticos Florestais (Cristina Santos, Ana Almeida e José Manuel Rodrigues, do ICNF). O conjunto dos depoimentos recebidos permite traçar o panorama do mais recente trabalho desenvolvido no nosso país nesta área.

No artigo de Benvindo Maçãs *et al.*, do INIAV, esclarece-se o longo processo de criação de novas variedades mais adaptadas a condições sempre em mudança e a importância crescente desse processo. “*A resiliência da agricultura depende da adaptação das espécies/variedades aos novos cenários.*” O sucesso dessas novas variedades depende, por sua vez, da variabilidade da população de partida e da forma como essa variabilidade é gerida e aumentada. São assim apresentados cinco sistemas nos quais se centra este trabalho desenvolvido no INIAV: sistemas de agricultura extensivos com predomínio da produção vegetal; sistemas de agricultura extensi-

vos de carácter misto (produção vegetal e produção animal); sistemas de produção de arroz; sistemas de pecuária extensiva e sistemas de produção de olival. O objetivo é sempre “*o melhoramento de variedades que assegure a segurança alimentar e a transição para a agroecologia.*”

Por sua vez, o artigo de Ana Maria Barata *et al.*, do Banco Português de Germoplasma Vegetal, versa a importância dos Recursos Genéticos Vegetais e do trabalho que tem vindo a ser desenvolvido nesse domínio em Portugal, na Europa e no mundo, desde sobretudo a década de 1950. Referem as diversas organizações e projetos existentes a vários níveis, salientando a forma como o nosso país se integra desde há muito nessas linhas de trabalho e o incremento na atividade que tem havido recentemente devido às novas tecnologias. Esclarece os contributos dados pelos bancos de germoplasma nacionais para as estratégias nacionais criadas, as iniciativas tomadas em contacto com os agricultores, no terreno, o desenvolvimento das capacidades institucionais e humanas, as parcerias estabelecidas tanto a nível nacional como da UE e globalmente e, acima de tudo, como isso se relaciona com a valorização dos recursos endógenos e locais, nunca perdendo de vista uma visão planetária para a resolução dos problemas da agricultura e da alimentação.

Nas Leituras, lemos desta vez: o recente estudo da CAP e da associação P-Bio designado por Agrobiotech, que traça o panorama da aplicação das técnicas da biotecnologia em Portugal para procurar criar uma estratégia comum; um relatório do JRC – Centro Comum de Investigação sobre o estado da arte em matéria de Novas Técnicas Genómicas; um relatório espanhol, da associação Anove e do Institut Cerdà, sobre o setor do melhoramento vegetal e as questões do abastecimento alimentar; e, finalmente, um estudo do IFOAM – Organics International sobre o melhoramento na área da agricultura biológica.

GRANDES TENDÊNCIAS

CULTIVAR

v.t. *TRABALHAR A TERRA PARA TORNÁ-LA FÉRTIL.*

A importância da (bio)tecnologia para a sustentabilidade dos sistemas alimentares

As Novas Técnicas Genómicas no quadro das políticas públicas europeias e internacionais

EDUARDO DINIZ¹, CRISTINA VASQUES¹ e PAULA CARVALHO²

¹ Gabinete de Planeamento, Políticas e Administração Geral (GPP)

² Direção-Geral de Alimentação e Veterinária (DGAV)

1. Contexto – As perguntas que necessitam de resposta

Está em curso um debate político-institucional no seio das instituições europeias sobre a aplicação da biotecnologia na produção agroalimentar. Este não é um debate novo, mas a proposta de aplicação das denominadas Novas Técnicas Genómicas (NTG), que estão inseridas numa das linhas de trabalho do Pacto Ecológico Europeu (PEE), obrigam a um difícil trabalho de conciliação política para dar resposta a interesses diversos, ou mesmo conflitantes, na utilização da biotecnologia na produção dos alimentos.

Antes de nos debruçarmos sobre o intrincado labirinto das negociações e da regulamentação europeias é importante analisar este tema com uma certa distância. Em primeiro lugar, temos de entender o

contexto e os objetivos que sustentam quer a necessidade de utilização da biotecnologia, quer a necessidade da sua regulação. Com efeito, a biotecnologia é uma questão instrumental que tem de estar ao ser-

viço de um objetivo primeiro que é o da garantia de uma alimentação disponível, em quantidade e qualidade, para todas as populações.

Assim, começamos por formular duas perguntas que necessitam de resposta:

- Como garantir simultaneamente o abastecimento alimentar da população mundial e os objetivos para a transição climática?
- Qual o contributo da União Europeia para este desafio de um sistema alimentar sustentável?

Garantir o abastecimento alimentar significa ter os recursos naturais necessários para produzir alimentos de modo a satisfazer a procura em quantidade e

... a biotecnologia é uma questão instrumental que tem de estar ao serviço de um objetivo primeiro que é o da garantia de uma alimentação disponível, em quantidade e qualidade, para todas as populações.

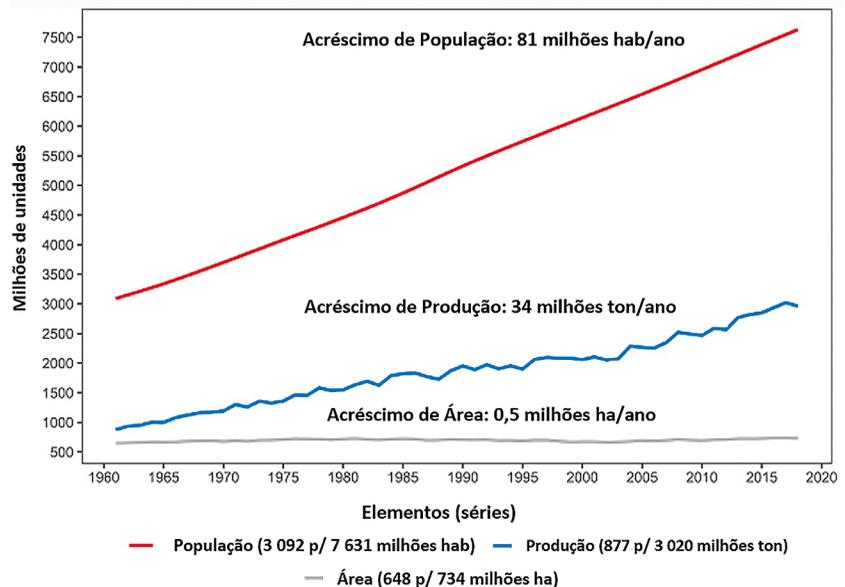
qualidade de 8,1 mil milhões de pessoas¹. O objetivo é garantir a quantidade e qualidade dos alimentos que assegurem o fornecimento das quilocalorias e das características nutritivas adequadas².

Garantir os objetivos da transição climática implica desligar progressivamente o crescimento económico da expansão no uso dos recursos naturais em que, no caso da agricultura, o solo é um elemento central.

A curva de crescimento da população, conforme ilustrado no Gráfico 1, foi também acompanhada pelo crescimento da produção agrícola, nomeadamente dos cereais, que são as principais *commodities* alimentares, com um acréscimo de 34 milhões de toneladas ao ano no período mencionado. Convirá, no entanto, destacar que a expansão do uso do solo, de entrada de novas áreas em produção, foi apenas de 0,5 milhões de hectares por ano. Ou seja, entre 1960 e 2018, a produtividade do solo permitiu que a expansão da área da produção de cereais tenha subido apenas de 648 milhões de hectares (13%), ao passo que a população aumentou de cerca de 3 mil milhões de

Garantir o abastecimento alimentar significa ter os recursos naturais necessários para produzir alimentos de modo a satisfazer a procura em quantidade e qualidade de 8,1 mil milhões de pessoas.

Gráfico 1 – Tendência de evolução da população mundial e da produção de cereais e respetiva área no período 1961-2018³



Garantir os objetivos da transição climática implica desligar progressivamente o crescimento económico da expansão no uso dos recursos naturais ...

De uma forma simplificada, existem apenas duas alternativas: ou reduzimos a procura ou aumentamos a oferta.

habitantes para 7 mil milhões (230%).

De uma forma simplificada, existem apenas duas alternativas: ou reduzimos a procura ou aumentamos a oferta.

Quanto à redução da procura, essa solução só poderá ser realizada pelo decréscimo demográfico, pelas alterações dos hábitos de consumo ou pela redução das perdas e desperdício na cadeia de valor agroalimentar. Ora, estas alternativas ou não são plausíveis, como é o caso da redução demográfica (no gráfico anterior, mostrou-se que o acréscimo vai continuar nas próximas décadas, prevendo-se atingir 8,5 mil milhões de habitantes

¹ Note-se que a população mundial continua em crescimento: entre 1961-2018 cresceu em média 81 milhões de habitantes por ano.

² A média em 2005-2007 rondava as 2 700 quilocalorias por habitante.

³ A partir de: *Chapter 4 – Climate Change and Future of Agri-Food production*, Lalit Kumara et al., in *Future Foods Global Trends, Opportunities, and Sustainability Challenges*, ed. Rajeev Bhat, 2022. Dados a partir de: *Chapter 31 – Agricultural productivity and food supply to meet increased demands*, D.M.K.S. Hemathilakea e D.M.C.C. Gunathilake, *ibidem*.

em 2030 e 9,7 em 2050)⁴; ou não são apropriadas do ponto de vista global, como é o caso dos hábitos de consumo, tendo em conta que é necessário corrigir, com urgência, a má nutrição e a fome de cerca de 800 milhões de pessoas⁵, o que não é possível de compensar pela adoção de regimes alimentares “éticos” nos países mais desenvolvidos; ou, ainda, são apenas parcelares, como é o caso do combate ao desperdício alimentar, em que o problema mais sensível está nas perdas ao nível da logística e da conservação dos alimentos nos países em vias de desenvolvimento, e não apenas no excesso de consumo nos países mais desenvolvidos.

No caso do aumento da oferta, convirá ter presente que atualmente temos um rácio de 0,27 ha/pessoa para a produção de alimentos e que, a prazo, se desejarmos prosseguir os objetivos da transição climática e, portanto, não aumentar a exploração do recurso solo, esse rácio terá de diminuir para 0,11 ha/pessoa até 2040. Ou seja, o aumento da oferta baseado em práticas iguais às disponíveis hoje em dia ou em sistemas produtivos mais extensivos não se apresenta como uma solução.

Com efeito, segundo a OCDE⁶, para atingir simultaneamente as metas da fome zero e da redução de emissões, a produtividade agrícola média global teria de aumentar 28% nesta década, o que corresponderia a um crescimento superior ao dobro do conseguido na década anterior.

... só será possível atender em simultâneo às necessidades de abastecimento e à transição climática com um incremento muito relevante dos níveis de produtividade, sem contudo deixar de refletir, no médio prazo, sobre qual o grau de trade-off, de compromisso, necessário entre estes dois objetivos.

... existe o reconhecimento técnico-científico da importância da biotecnologia, existe o interesse público e privado no seu desenvolvimento. Contudo, a sua utilização suscita reservas legítimas de muitos consumidores, ou mesmo interesses antagónicos, que aconselham a uma regulação pública despida de preconceitos.

Assim, para dar resposta à primeira questão que colocámos, só será possível atender em simultâneo às necessidades de abastecimento e à transição climática com um incremento muito relevante dos níveis de produtividade, sem contudo deixar de refletir, no médio prazo, sobre qual o grau de *trade-off*, de compromisso, necessário entre estes dois objetivos.

O aumento da eficiência no uso dos recursos naturais, nomeadamente do solo e da água, o uso de variedades mais produtivas e de alimentos mais nutritivos e energéticos, por unidade de peso, só são possíveis de obter com uma contínua modernização das práticas agronómicas e através da integração de conhecimento e tecnologia, em particular da digitalização e da biotecnologia.

A biotecnologia tem assim uma centralidade na resposta simultânea às preocupações da transição climática e das necessidades dos agricultores de utilização de variedades mais produtivas.

Concluimos, neste ponto, que existe o reconhecimento técnico-científico da importância da biotecnologia, existe o interesse público e privado no seu desenvolvimento. Contudo, a sua utilização suscita reservas legítimas de muitos consumidores, ou mesmo interesses antagónicos, que aconselham a uma regulação pública despida de preconceitos.

⁴ A FAO prevê que esse crescimento seja de 1,1% nos próximos 40 anos, comparando com os 2,2% das quatro décadas anteriores.

⁵ Segundo as metas fixadas no ODS – Objetivo de Desenvolvimento Sustentável n.º 2 – Erradicar a fome, da ONU, o objetivo está fixado em +10%, em média de calorias/pessoa/dia, em países de rendimento médio mais baixo, e em +30%, em média de calorias/pessoa/dia, em países de rendimento baixo. (Ver também Nota 8)

⁶ OCDE/FAO (2022), *OECD-FAO Agricultural Outlook*, OECD Agriculture statistics (database), <http://dx.doi.org/10.1787/agr-outl-data-en>

Por um lado, existe uma pressão, atrás justificada, para se produzir mais alimentos, por outro, existe uma visão conservacionista de que as soluções sustentáveis passam apenas pelas variedades autóctones e seus modos de produção (tradicionais ou de baixa intervenção).

2. Alguns apontamentos históricos

A alimentação ganhou hoje uma renovada atualidade no debate no espaço público. Por um lado, persistem, como vimos, problemas de má nutrição em alguns blocos geográficos, com dificuldades ao nível da estruturação da cadeia de produção e fornecimento, por outro lado, nas sociedades da “abundância”, o desperdício e as doenças associadas à obesidade ou outras doenças levantam preocupações públicas. Acresce ainda a pressão ecológica da produção e distribuição dos alimentos exercida sobre os recursos naturais (terra, água e biodiversidade) e o clima.

Este contexto é suscetível de pressionar para uma regulação por parte das políticas públicas, mas nem sempre se tem em conta a evolução da história da alimentação e do engenho humano ao longo de séculos, ou milénios, na procura de um abastecimento alimentar regular e saudável.

A história da alimentação é um percurso de procura de soluções técnicas na manipulação e domesticação de culturas vegetais e espécies animais.

Para refletir sobre a história da alimentação há dois pilares incontornáveis: a evolução tecnológica e a envolvimento cultural. Estes dois pilares enformam os sistemas alimentares e não se pode ter a presunção de que a história da alimentação começou hoje.

Destacamos em seguida alguns pontos que deveremos ter em conta na elaboração de estratégias ou na regulação dos sistemas alimentares:

As plantas e os alimentos viajam e são “apropriados” culturalmente

Como primeiro ponto, é importante realçar que as principais culturas que garantem o abastecimento alimentar no mundo são culturas que tiveram origem exótica: é o caso do milho, do trigo, do arroz.

Estas culturas têm vindo a ser continuamente melhoradas na resistência a doenças e à seca e ainda no aumento das produtividades unitárias.

Do ponto de vista social e patrimonial, são várias as culturas e os alimentos que são “apropriados” culturalmente por diferentes países, geografias e cozinhas. A malagueta é uma referência incontornável

na cozinha indiana, mas foi introduzida na Ásia pelos portugueses aquando dos Descobrimentos. O mesmo se pode referir face à

mandioca em África, que proveio também da América do Sul. E para dar um exemplo da cozinha europeia, o tomate é um ingrediente comum nos pratos de massa em Itália há apenas 200 anos.

Constatamos, assim, que a partilha de variedades mais produtivas ou nutritivas, ao longo dos tempos, foi um avanço civilizacional muito importante e que essa troca teve o potencial de enriquecer culturalmente os diferentes povos.

A história da agricultura é uma história de eficiência e introdução de tecnologias

Através do engenho humano, foram sendo introduzidas tecnologias para dar resposta às necessidades alimentares e ao bem-estar das populações.

A história da alimentação é um percurso de procura de soluções técnicas na manipulação e domesticação de culturas vegetais e espécies animais.

Para refletir sobre a história da alimentação há dois pilares incontornáveis: a evolução tecnológica e a envolvimento cultural.

... é importante realçar que as principais culturas que garantem o abastecimento alimentar no mundo são culturas que tiveram origem exótica: é o caso do milho, do trigo, do arroz.

No início, o esforço foi dirigido à domesticação de plantas silvestres e de animais selvagens, tendo-se posteriormente introduzido no processo produtivo a mecanização, a eletricidade, a divisão do trabalho, a eletrônica.

Desta forma, nas várias etapas da Revolução Industrial (e da Revolução Verde), a agricultura foi encetando um caminho desde a produção tradicional, limitada na sua dimensão e diversificada a partir das suas fronteiras, tendo-se avançado para uma agricultura de cariz industrial, em que o grande objetivo era o abastecimento uniformizado. Atualmente, procura-se alcançar uma agricultura de precisão e de customização, quer ao nível da exploração agrícola, quer ao nível da logística, para uma satisfação cada vez mais diferenciada dos consumidores.

O caminho foi sendo consistente, com ganhos de produtividade e eficiência em que a introdução de tecnologias genéticas teve um papel muito relevante. Este processo foi essencialmente realizado pela seleção das variedades mais adaptadas ao seu uso e beneficiando das mutações naturais que ocorrem nas espécies animais e vegetais. De igual forma, também o homem aprendeu a realizar cruzamentos entre diferentes variedades de plantas ou animais compatíveis, para obter novas características e melhores produções.

Este processo da transmissão das características dos seres vivos para os seus descendentes, ou seja, a

hereditariedade, foi descrito em 1860, com o monge austríaco Gregor Mendel, considerado por isso o pai da genética. Posteriormente, com o conhecimento do genoma integral de algumas espécies e com o avanço da engenharia genética, surgiu, após a década de 70, a possibilidade de alterar o ADN e promover a transgénese (introdução de sequências de genes provenientes de outra espécie) como uma evolução do melhoramento genético convencional. Este método dá origem a Organismos Geneticamente Modificados (OGM), o que significa organismos em que o material genético foi alterado de uma maneira que não ocorre naturalmente por acasalamento e/ou recombinação natural.

A engenharia genética passou também a utilizar marcadores moleculares que correspondem, basicamente, a uma sequência de nucleótidos, ao nível do ADN. Estes permitem a caracterização genética de diferentes genomas, de forma mais fácil e rápida.

A utilização deste tipo de marcadores contribuiu significativamente para a elaboração das primeiras versões de mapas genéticos. Também foram muito utilizados para melhoramento de plantas e de animais, na seleção de características fenotípicas desejáveis.

Nos finais do século passado, foi desenvolvido um novo método de modificação do genoma, que foi mesmo distinguido com o Prémio Nobel da Química em 2020, o sistema CRISPR/Cas9⁷. É uma abordagem de edição de genoma simples,

Atualmente, procura-se alcançar uma agricultura de precisão e de customização, quer ao nível da exploração agrícola, quer ao nível da logística, para uma satisfação cada vez mais diferenciada dos consumidores.

A inovação e a investigação nestes domínios, através destas novas técnicas genómicas, têm, reconhecidamente, um papel muito importante na redução da utilização de produtos fitofarmacêuticos e fertilizantes, permitindo contribuir para a obtenção de alimentos saudáveis com impacto positivo na saúde e no meio ambiente e promovendo assim sistemas agroalimentares mais sustentáveis.

⁷ Esta técnica é agora usada em milhares de laboratórios de pesquisa em todo o mundo. A simplicidade da sua implementação permitiu que se difundisse muito rapidamente na comunidade científica. Tudo o que é necessário é uma proteína Cas9 para cortar o ADN e um ARN guia específico para a sequência alvo. O ARN guia, que deve ser adaptado a cada vez, é muito fácil de fabricar, principalmente porque foi desenvolvido um *software* (de acesso gratuito) para determinar as melhores sequências a utilizar, dependendo do gene ou sequência alvo.

rápida e eficiente e que tem sido utilizada em diversas aplicações, não só no melhoramento genético, mas também como promissora terapia genética.

A inovação e a investigação nestes domínios, através destas novas técnicas genómicas, têm, reconhecidamente, um papel muito importante na redução da utilização de produtos fitofarmacêuticos e fertilizantes, permitindo contribuir para a obtenção de alimentos saudáveis com impacto positivo na saúde e no meio ambiente e promovendo assim sistemas agroalimentares mais sustentáveis.

3. Biotecnologia no desenvolvimento sustentável – políticas públicas internacionais e europeias

Para responder à segunda pergunta que formulámos, as políticas traçadas a nível internacional, nomeadamente no que toca aos Objetivos do Desenvolvimento Sustentável (ODS)⁸, têm conduzido à necessidade de definição de estratégias, também ao nível da União Europeia (UE), visando dar cumprimento aos objetivos globais.

Foi neste contexto que surgiu a Agenda Estratégica, para o quinquénio 2019-2024, da Comissão de Ursula von der Leyen que engloba, como princípios orientadores, o Pacto Ecológico Europeu (PEE) e o desenvolvimento da Economia Digital.

Assim, em dezembro de 2019, a Comissão Europeia apresentou o PEE, para adequar as políticas da UE nos domínios do clima, da energia, dos transportes, da fiscalidade e da agricultura aos objetivos de reduzir drasticamente as emissões líquidas de gases com efeito de estufa, permitindo simultaneamente um crescimento económico dissociado da exploração de recursos, para uma transição justa.

O PEE assenta em três eixos que visam contribuir para o cumprimento dos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável:

- a Estratégia do Prado ao Prato,
- a Estratégia para a Biodiversidade
- e a Lei Europeia do Clima.

Quadro 1 – Iniciativas do Pacto Ecológico Europeu

		Apresentação
Estratégia do Prado ao Prato	Regulamento do Uso Sustentável de Produtos Fitofarmacêuticos	2022 – 2.º Trimestre
	Diretiva das Alegações Ambientais	2023 – 2.º Trimestre
	Pacote Economia Circular II	2022 – 4.º Trimestre
	Sistemas Agroalimentares Sustentáveis e Utilização de Recursos	2023 – 2.º Semestre
	Revisão da Legislação sobre Bem-Estar Animal	2023 – 2.º Semestre
Estratégia para a Biodiversidade	Regulamento da Restauração da Natureza	2022 – 2.º Trimestre
	Novo Pacto para os Polinizadores	s/ previsão
Lei Europeia do Clima	FIT for 55	2021 – 2.º Trimestre
	Diretiva das Emissões Industriais	2022 – 2.º Trimestre
	Pacote Poluição Zero	2022 – 4.º Trimestre
	Certificação das Remoções do Carbono	2021 – 3.º Trimestre

⁸ <https://ods.pt/> A Agenda 2030 para o Desenvolvimento Sustentável, adotada pelas Nações Unidas em 2015 define as prioridades do desenvolvimento sustentável global para 2030 e procura mobilizar esforços globais à volta de um conjunto de objetivos e metas comuns. São 17 os ODS que representam um apelo urgente para uma parceria global. Os ODS reconhecem que a erradicação da pobreza e outras privações devem ser acompanhadas de estratégias que melhorem a saúde e a educação, reduzam a desigualdade e estimulem o crescimento económico – ao mesmo tempo que combatem as alterações climáticas e preservam os ecossistemas.

Quadro 1.1 – Sistemas Agroalimentares Sustentáveis

<p>Sistemas Agroalimentares Sustentáveis e Utilização de Recursos</p>	<p>Lei da Saúde dos Solos</p> <p>Plantas Produzidas por Novas Técnicas Genómicas</p> <p>Revisão da Diretiva-Quadro sobre Resíduos</p>	<p>Apresentação</p> <p>2023 – 3.º Trimestre</p>
		<p>2023 – 3.º Trimestre</p>
		<p>2023 – 3.º Trimestre</p>

Estes três eixos do PEE desdobram-se num conjunto alargado de iniciativas legislativas, cujos objetivos, em muitos casos, se cruzam ou se complementam entre si. Para a sua prossecução, contribuem as várias políticas europeias, nomeadamente a Política Agrícola Comum (PAC), na medida em que várias destas iniciativas estão estreitamente relacionadas com o setor agrícola, tendo sido previsto na regulamentação da PAC que os Planos Estratégicos integrariam, durante a sua vigência, a nova legislação em curso no âmbito do PEE.

A Estratégia do Prado ao Prato tem por objetivo acelerar a transição da UE para sistemas alimentares sustentáveis e pretende responder à necessidade urgente de reduzir a dependência de pesticidas e antimicrobianos, reduzir o excesso de fertilização, aumentar a conversão para a agricultura biológica, melhorar o bem-estar dos animais e inverter a perda de biodiversidade. Tem como meta, nomeadamente, a alocação de 25% das terras agrícolas da UE para a agricultura biológica até 2030 e a redução do uso de fatores de produção químicos (fertilizantes pesticidas e antibióticos) na produção de alimentos.

Na Estratégia do Prado ao Prato está incluído o quadro legislativo denominado “Sistemas Alimentares Sustentáveis”, uma das iniciativas mais emblemáticas, que foi adotado pela Comissão Europeia em julho de 2023 e integra três propostas legislativas muito relevantes para a agricultura:

A Estratégia do Prado ao Prato tem por objetivo acelerar a transição da UE para sistemas alimentares sustentáveis e pretende responder à necessidade urgente de reduzir a dependência de pesticidas e antimicrobianos, reduzir o excesso de fertilização, aumentar a conversão para a agricultura biológica, melhorar o bem-estar dos animais e inverter a perda de biodiversidade.

... o quadro legislativo denominado “Sistemas Alimentares Sustentáveis”, ... foi adotado pela Comissão Europeia em julho de 2023

- a Diretiva sobre a Monitorização e Resiliência dos Solos,
- a revisão da Diretiva-Quadro dos Resíduos
- e um Regulamento sobre os vegetais obtidos através de Novas Técnicas Genómicas.

No contexto do presente artigo, debruçamo-nos particularmente sobre a proposta legislativa relativa às plantas obtidas através de novas técnicas genómicas e aos géneros alimentícios e alimentos para animais assim obtidos, que pretende estabelecer as regras a vigorar na União Europeia para a utilização destas técnicas no melhoramento e na obtenção de novas variedades de vegetais.

Esta forma de biotecnologia, desenvolvida nas duas últimas décadas, é constituída por um grupo diversificado de técnicas, que podem ser utilizadas de várias formas visando alterar o genoma e alcançar resultados e produtos diferentes. Os objetivos do utilizador e da técnica determinam o tipo e a magnitude da modificação do genoma, que pode variar desde alterações limitadas, até modificações múltiplas com maior ou menor complexidade.

A Diretiva 2001/18 regulou os OGM e as regras aplicáveis ao seu cultivo, listando as técnicas de melhoramento que eram excluídas da aplicação desta regulação, em face das técnicas de melhoramento disponíveis (nomeadamente, a mutagenese

induzida) e utilizadas no momento da sua adoção em 2001.

No processo C-528/16, de 2018, o Tribunal de Justiça da União Europeia (TJUE) decidiu que as novas técnicas mutagénicas (nomeadamente o sistema CRISPR/Cas9) se enquadram no âmbito desta Diretiva (pois não tinham sido incluídas na lista de técnicas excluídas) e estão sujeitas às obrigações nela previstas. Esta decisão levantou questões práticas, já que em muitas situações os produtos obtidos por meio destas novas técnicas não se conseguem distinguir, usando os métodos atuais, dos produtos resultantes de mutações naturais ou simplesmente induzidas, o que tem tido consequências para as autoridades nacionais competentes, para a investigação, para a indústria, em particular no setor do melhoramento de plantas.

Esta decisão originou um posicionamento do Conselho Europeu no sentido de solicitar à Comissão um estudo para clarificação da interpretação do TJUE. O referido estudo foi assim realizado pela Comissão, fundamentado em pareceres da Agência Europeia para a Segurança Alimentar (EFSA), de peritos e de contributos das autoridades competentes dos Estados-Membros e das partes interessadas, a nível da UE, através de consultas específicas, tendo sido tornado público em 29 de abril de 2021. Portugal participou através da Direção Geral de Alimentação e Veterinária (DGAV) em articulação com a Agência Portuguesa do Ambiente (APA).

O estudo permitiu concluir que os recentes desenvolvimentos em biotecnologia, a par com a ausência de léxico e de definições adequados na legislação dos OGM, podiam dar origem a ambiguidades na interpretação de alguns conceitos, podendo gerar incertezas do ponto de vista da regulamentação,

existindo ainda “fortes indícios” de que a “legislação atual não seria adequada para algumas NTG e produtos derivados, devendo ser adaptada ao progresso científico e tecnológico”⁹.

No Conselho de Ministros da Agricultura e Pescas de maio de 2021 (durante a Presidência Portuguesa da UE), foram debatidas as conclusões deste estudo da Comissão, reconhecendo-se a necessidade de modernizar a legislação vigente, apesar das particularidades e desafios apresentados por essa modernização.

... em muitas situações os produtos obtidos por meio destas novas técnicas não se conseguem distinguir, usando os métodos atuais, dos produtos resultantes de mutações naturais ou simplesmente induzidas, o que tem tido consequências para as autoridades nacionais competentes, para a investigação, para a indústria, em particular no setor do melhoramento de plantas.

Neste sentido, a Comissão apresentou, em julho de 2023, e no âmbito do denominado Pacote para a Utilização Sustentável de Recursos Naturais Essenciais, a proposta de Regulamento para plantas obtidas por NTG destinadas à produção alimentar e de alimentos para animais. Esta proposta fez parte de um pacote de propostas legislativas destinadas a implementar

as estratégias da UE do Prado ao Prato e da Biodiversidade.¹⁰

A proposta de Regulamento tem por objetivo essencial criar um quadro de autorização específico para as plantas obtidas por NTG. No enquadramento atual, estas estavam sujeitas à legislação aplicável aos OGM; contudo, as diferenças entre estes e as NTG justificam uma abordagem distinta. Pretendeu-se assim criar um quadro legal próprio para as variedades vegetais obtidas por NTG diferente do existente para os OGM, como reação à decisão do TJUE.

Do ponto de vista técnico-científico, esta proposta de Regulamento enquadra o uso de técnicas de modificação genética em vegetais que são suscetíveis de ocorrer na natureza ou por técnicas convencionais de melhoramento. As técnicas agora regulamenta-

⁹ https://food.ec.europa.eu/plants/genetically-modified-organisms/new-techniques-biotechnology/ec-study-new-genomic-techniques_en

¹⁰ https://food.ec.europa.eu/plants/genetically-modified-organisms/new-techniques-biotechnology_en

das são a *mutagénesis* dirigida ou induzida e a *cisgénesis*:

- o uso de técnicas de mutagénesis dirigida resulta em modificações da sequência do ADN em locais precisos do genoma de um organismo;
- a cisgénesis é uma técnica de modificação genética que resulta na inserção, no genoma de um organismo, de material genético já presente no património genético à disposição dos obtentores tal como poderá ocorrer na natureza – por exemplo, introduzindo material genético de uma cenoura selvagem numa cenoura cultivada.

Pretende-se assim estabelecer uma diferença clara entre as plantas obtidas por NTG, em que apenas se utiliza ADN de plantas suscetíveis de se cruzarem na natureza ou por melhoramento vegetal convencional, e as geneticamente modificadas (OGM) resultantes da inserção de material genético de outras espécies que não se cruzariam na natureza.

De acordo com a conclusão do estudo da Comissão, as NTG não são passíveis de serem diferenciadas, por técnicas laboratoriais de deteção, das plantas obtidas por melhoramento convencional, por exemplo, mutagénesis *in vivo*.

A mutagénesis, enquanto NTG, conduz aos mesmos resultados da mutagénesis convencional, a qual tem sido fundamental para o melhoramento de plantas promovido pelos agricultores ou pelos melhoradores.

De referir que no âmbito da proposta de Regulamento são definidas duas categorias distintas de NTG, tendo em vista a colocação destes vegetais no mercado:

- **Categoria NTG 1** – Os vegetais, a sua descendência ou os produtos a que dão origem, obtidos por qualquer das técnicas, mutagénesis dirigida e/ou cisgénesis, que podem ocorrer na natureza ou por técnicas de reprodução convencional.

A proposta de Regulamento prevê que os vegetais NTG que cumpram estes critérios sejam tratados como vegetais convencionais e isentos dos requisitos da legislação relativa aos OGM. Prevê igualmente que as informações sobre as plantas NTG da Categoria 1 apenas sejam indicadas na rotulagem dos materiais de multiplicação de plantas, numa base de dados pública e através dos catálogos pertinentes sobre variedades vegetais, ou seja, as exigências de rotulagem referem-se apenas aos materiais de multiplicação de plantas e não aos produtos.

- **Categoria NTG 2** – Os vegetais, a sua descendência ou os produtos a que dão origem, que não são os da Categoria 1 e os vegetais obtidos por técnicas genómicas que dificilmente ocorreriam por técnicas de reprodução convencional estarão subordinados à legislação relativa aos OGM. Estas plantas devem estar sujeitas a uma avaliação dos riscos e a uma autorização, antes de poderem ser colocadas no mercado. Devem, neste caso, ser sujeitos a um sistema de rastreabilidade e rotulagem como o aplicado aos OGM.

Pretende-se estabelecer uma diferença clara entre as plantas obtidas por NTG, em que apenas se utiliza ADN de plantas suscetíveis de se cruzarem na natureza ou por melhoramento vegetal convencional, e as geneticamente modificadas (OGM) resultantes da inserção de material genético de outras espécies que não se cruzariam na natureza.

A proposta de Regulamento encontra-se, nesta data, em fase de discussão em sede do Grupo de Trabalho do Conselho, não tendo ainda sido possível, pese embora os esforços das presidências espanhola e belga, obter acordo quanto a um texto de compromisso, para que se possam iniciar as negociações com o Parlamento Europeu (PE), de modo a obter uma redação final consensual entre estes dois órgãos.

Entretanto, em sessão plenária do PE, no passado dia 7 de fevereiro, foi adotada uma posição sobre este Regulamento, a qual contém 75 propostas de alteração ao texto originalmente proposto que serão negociadas com o Conselho, assim se venha a obter consenso entre os Estados-Membros¹¹.

Contudo, ao nível do Conselho não foi possível obter uma maioria qualificada para permitir alcançar um acordo, em primeira leitura, pelas duas instituições. Alguns Estados-Membros defendem que a proposta de texto regulamentar não dá resposta à questão das patentes, tendo ainda sido levantadas reservas sobre outras questões, como é o caso da rotulagem e os critérios de equivalência. Desta forma, o dossiê dificilmente será concluído antes das eleições para o Parlamento Europeu, em junho de 2024.

Uso de NTG a nível internacional

Pelo seu elevado potencial na resposta aos múltiplos desafios que se colocam ao setor agrícola, existe um interesse crescente, tanto na UE como a nível mundial, relativo às aplicações das NTG em plantas. O melhoramento de plantas é considerado uma necessidade para a segurança alimentar global e para a eliminação das assimetrias entre os países mais ricos e os países mais pobres.

Ao longo da última década, tem havido um amplo debate público também a nível internacional, sobre se as plantas obtidas desta forma devem ser tratadas da mesma maneira que as linhas convencionais, ou se o processo utilizado para as gerar deve

ser tido em conta e, por conseguinte, se as culturas assim editadas devem ser tratadas como OGM.

Os diferentes países seguiram caminhos diferentes em relação ao entendimento sobre estas duas formas de obtenção de vegetais modificados. Neste contexto, tem-se verificado que, antes de as linhas editadas poderem ser introduzidas nos programas de melhoramento e, sobretudo, serem utilizadas como produto, alguns países que pretendem utilizar essas linhas têm de desenvolver um quadro regulamentar legal, enquanto outros analisam as modificações caso a caso.

Um ponto de situação mundial, estabelecido em 2022, resumia desta forma o panorama regulamentar da edição do genoma. Enquanto, em 2018, o TJEU classificou todas as linhas editadas no genoma como OGM, nos EUA e em vários outros países as linhas livres de transgênicos e editadas no genoma foram classificadas como equivalentes às linhas criadas convencionalmente. Entretanto, muitos países estabeleceram novas diretrizes e legislação para isentar as culturas com edição genómica dos regulamentos relativos aos OGM.

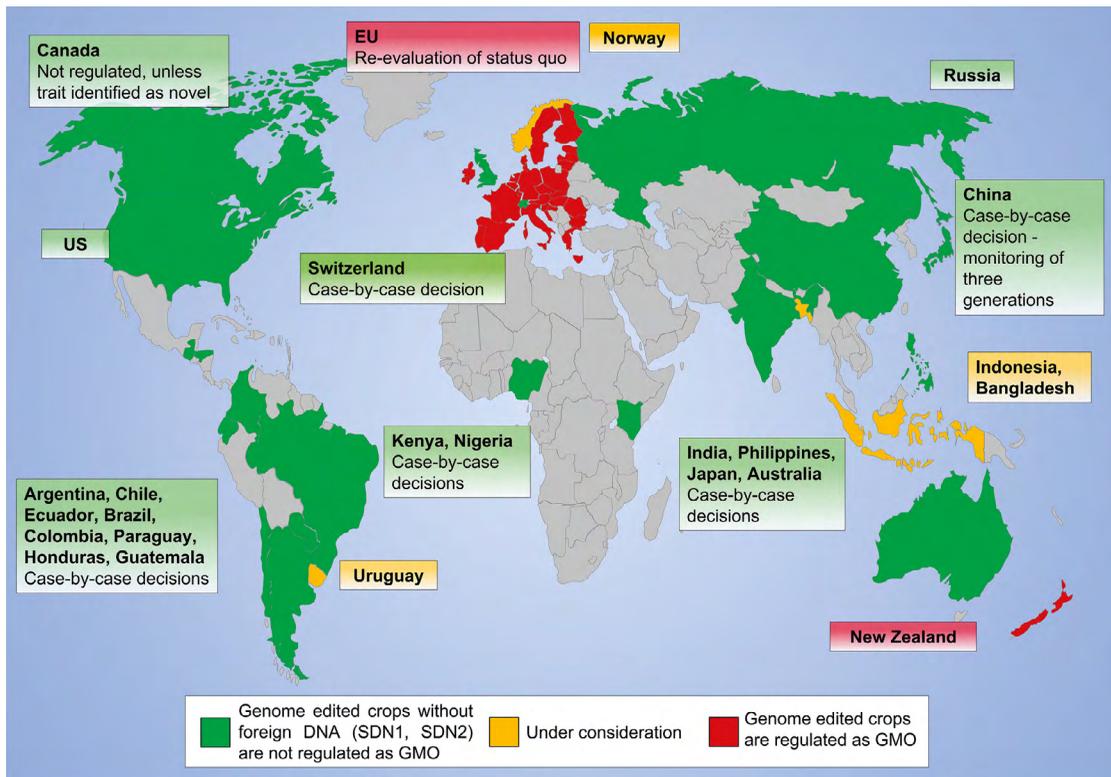
Conforme patente no Mapa 1, países como o Reino Unido, a Suíça, muitos países da América do Sul, como a Argentina ou o Brasil, os Estados Unidos, a Rússia, a China, a Índia, o Japão e alguns países africanos têm já legislação para plantas NTG que permite aos seus agricultores utilizarem esta

tecnologia na agricultura, sob supervisão das respetivas entidades reguladoras, enquanto a UE, como

O melhoramento de plantas é considerado uma necessidade para a segurança alimentar global e para a eliminação das assimetrias entre os países mais ricos e os países mais pobres.

Um dos pontos mais importantes sobre a legislação europeia em negociação parece ser a vontade da maioria dos Estados-Membros da não utilização das NTG em agricultura biológica, o que poderá colocar este tipo de prática agrícola em grande desvantagem relativamente à agricultura convencional. Outras questões relacionam-se ... com reservas sobre o processo de registo de patentes e as normas da rotulagem.

¹¹ A posição do PE pode ser consultada em https://www.europarl.europa.eu/doceo/document/A-9-2024-0014_EN.html

Mapa 1 – Ponto de situação da legislação sobre edição do genoma (junho de 2022)

Legenda: GMO, organismo geneticamente modificado; SDN, nuclease dirigida ao local. A ilustração é simplificada e não representa necessariamente todos os países.

Fonte: Marcel Buchholzer, Wolf B. Frommer, "An increasing number of countries regulate genome editing in crops" – *New phytologist*, 23 jun 2022

vimos, propôs há uns meses legislação para este efeito que está ainda em negociação.

Um dos pontos mais importantes sobre a legislação europeia em negociação parece ser a vontade da maioria dos Estados-Membros da não utilização das NTG em agricultura biológica, o que poderá colocar este tipo de prática agrícola em grande desvantagem relativamente à agricultura convencional. Outras questões relacionam-se, como vimos, com reservas sobre o processo de registo de patentes e as normas da rotulagem.

4. Notas finais

Desde que a espécie humana iniciou a produção de alimentos, foi promovendo a melhoria das espécies que utilizava. Este processo foi essencialmente realizado pela seleção das variedades mais adaptadas ao seu uso e beneficiando das mutações naturais que ocorrem nas espécies animais e vegetais. De

igual forma, o homem aprendeu a realizar também cruzamentos entre diferentes variedades de plantas ou animais compatíveis, para obter novas características e melhores produções.

Posteriormente, com o conhecimento do ADN promoveu-se o avanço da engenharia genética, embora com reservas sobre tecnologias como é o caso da transgénesis (OGM). Com efeito, o melhoramento convencional de culturas leva anos, até décadas. Há muitas plantas que, pelas suas características genéticas específicas, são muito difíceis de melhorar por meios convencionais ou consomem muito tempo nesse processo. E acontece que muitas dessas culturas requerem a maior parte dos pesticidas nocivos utilizados para proteção contra pragas e doenças.

Neste contexto, as NTG podem melhorar de forma eficaz esta situação, tornando as plantas agrícolas resistentes a doenças através de edições precisas e

direcionadas ao seu código genético, possibilitando os objetivos ambiciosos e vitais de redução de pesticidas, enquanto protegem os rendimentos dos agricultores.

A noção do bem público que é uma alimentação disponível para todos em quantidade e qualidade, a par da necessidade de investimento e inovação nas tecnologias agrónomicas, exige que os objetivos na definição das políticas públicas internacionais, europeias e nacionais encontrem um equilíbrio entre o motor do desenvolvimento económico e as preocupações de justiça social.

A tecnologia e a agricultura andam a par, não só para aumentar a fertilidade do solo, para irrigar as plantas, para permitir a mecanização e a automatização, mas também para procurar as melhores culturas e variedades.

As novas tecnologias são resultado de um aperfeiçoamento dos conhecimentos das gerações anteriores. Neste tipo de processos, é recorrente o aparecimento de excessos de

A noção do bem público que é uma alimentação disponível para todos em quantidade e qualidade, a par da necessidade de investimento e inovação nas tecnologias agrónomicas, exige que os objetivos na definição das políticas públicas internacionais, europeias e nacionais encontrem um equilíbrio entre o motor do desenvolvimento económico e as preocupações de justiça social.

Através destas [novas] técnicas, é possível acelerar o processo de obtenção e melhoramento de variedades vegetais, o que se torna relevante face à urgência que decorre da necessidade de cumprimento dos ODS no que respeita quer ao aumento da produtividade e do abastecimento alimentar, quer às metas climáticas.

se torna relevante face à urgência que decorre da necessidade de cumprimento dos ODS no que respeita quer ao aumento da produtividade e do abastecimento alimentar, quer às metas climáticas.

para dar uma melhor resposta, de forma sustentável, preservando o clima e a biodiversidade.

“financeirização” e também de reservas luddistas sobre aquilo que é novo. Para além das questões científicas e técnicas, existem também interesses económicos, de concorrência ou de justiça social que necessitam de ser arbitrados.

Através destas técnicas, é possível acelerar o processo de obtenção e melhoramento de variedades vegetais, o que se torna relevante face à urgência que decorre da necessidade de cumprimento dos ODS no que respeita quer ao aumento da produtividade e do abastecimento alimentar, quer às metas climáticas.

Como referido anteriormente, todas estas iniciativas da Agenda Europeia visam contribuir para estes Objetivos do Desenvolvimento Sustentável. Tendo presente o inexorável crescimento da população do planeta, o recurso à utilização das NTG contribuirá

As Novas Técnicas Genômicas – inovação ao serviço da agricultura e do planeta

JOÃO PACHECO

Farm Europe

O que são as Novas Técnicas Genômicas

Nos Relatórios do Centro Comum de Investigação da Comissão Europeia (JRC/CCI), de 2021, encontramos uma definição clara do que é uma Nova Técnica Genômica (NTG):

“Todos os organismos vivos abrigam um genoma composto por sequências de nucleótidos na forma de DNA ou RNA. O genoma de uma espécie não é caracterizado por uma sequência fixa de nucleótidos, mas sim por uma estrutura de sequência com milhões de variações de sequência que aparecem em diferentes indivíduos pertencentes à mesma espécie. As NTG podem adicionar variações de sequência ao genoma de um organismo (um processo denominado ‘edição do genoma’). Tais variações podem ser inteiramente novas e podem ou não ocorrer já em outros indivíduos da espécie.”¹

Também em 2021², o enorme potencial das NTG aparecia claramente exposto:

“Neste estudo, foram identificadas 427 aplicações de NTG em plantas, em diversas espécies. Apenas uma aplicação vegetal foi encontrada no mercado em pelo

menos um país do mundo: uma variedade de soja com alto teor de ácido oleico (...).

Foram classificadas 16 aplicações de plantas como estando em fase pré-comercial, incluindo algumas combinações planta-característica já desenvolvidas com técnicas genômicas estabelecidas, como milho, soja, arroz e batata, com características como tolerância a herbicidas, resistência a fungos, composição modificada de óleo ou amido e propriedades não escurecedoras. Outras aplicações não foram relatadas antes, como tomate fortificado com o suplemento dietético ácido gama-aminobutírico (GABA), feijão tolerante a herbicidas e linho, poejo e camelina com teor de óleo modificado.

As dimensões das fases avançadas de Investigação e Desenvolvimento (I&D) (117 aplicações vegetais) e da respetiva fase inicial (292 aplicações vegetais) mostram o potencial das plantas NTG no médio prazo (até 2030) e a diversidade de aplicações em termos de características e plantas. As características de resistência a doenças têm como alvo muitos tipos de patógenos e pragas. A tolerância ao estresse abiótico está amplamente representada nos dados coletados e inclui tolerância à seca, à salinidade e ao calor. A

¹ New Genomic Techniques: State-of-the-Art Review, JRC, 2021, p. 3: <https://op.europa.eu/en/publication-detail/-/publication/5a661f2b-a180-11eb-b85c-01aa75ed71a1/language-en> [Ver ficha de leitura sobre este estudo na secção Leituras – Nota da equipa editorial]

² Current and future market applications of new genomic techniques, JRC, 2021, p.5: <https://dx.doi.org/10.2760/02472>

composição modificada vai além do teor de amido e óleo, e muitas aplicações têm vindo a surgir em culturas com melhores propriedades nutricionais (teor de fibras ou vitaminas), bem como na redução de propriedades potencialmente nocivas (toxinas, alérgenos, acrilamida, etc.) ou glúten. Além disso, diversas aplicações são dedicadas à obtenção de maior e/ou mais estável produtividade (em termos de produção vegetal e/ou tamanho de frutos ou grãos).”

A inovação não para, e hoje já há mais plantas produzidas com NTG no mercado, incluindo tomate, banana e mostarda. É também muito relevante salientar que as NTG não se cingem ao reino vegetal.

“Algumas aplicações de NTG para a saúde humana foram além da pesquisa pré-clínica e são relatadas em 63 ensaios clínicos identificados, que estão na fase I ou na fase I/II. (...)

O cancro é o principal alvo de aplicações terapêuticas envolvendo o uso de NTG, com 48 aplicações, além de 8 aplicações relacionadas com tipos de cancro causados por infeções virais.”³

As NTG distinguem-se do melhoramento genético convencional por serem mais precisas e de execução mais rápida. Mas, em ambos os casos, não há recurso a material genético exterior à espécie que se pretende melhorar.

Esta característica é muito importante no contexto do debate público e regulamentar, pois distingue as NTG das técnicas utilizadas na criação de organismos geneticamente modificados (OGM), em que há utilização de material genético exterior à espécie.

O enquadramento legal das NTG na UE

Apesar desta distinção fundamental, o Tribunal de Justiça da União Europeia (TJUE) decidiu em 2018 que as plantas obtidas utilizando NTG deveriam ser consideradas como plantas geneticamente modificadas, na ausência de um enquadramento legislativo específico.

As consequências desta decisão do TJUE foram devastadoras. Os cientistas e os agricultores europeus ficaram presos pelos condicionalismos pesados aplicáveis à autorização de OGM, pelas restrições à comercialização em vários países europeus, e de facto

impossibilitados de utilizar estas novas tecnologias de ponta no melhoramento de plantas, ao contrário do que já acontecia com os principais concorrentes da União Europeia (UE).

Nessa data, só a UE e a Nova Zelândia equiparavam legalmente as NGT aos OGM. Nos Estados Unidos da América, não só as NTG não são consideradas como OGM, como não necessitam de rotulagem específica, sendo equiparadas a técnicas de melhoramento convencional.

A UE estava a ficar para trás na inovação, e os cérebros e investimentos europeus deslocaram-se para países mais acolhedores. Reagindo a esta situação constrangedora, a Comissão Europeia apresentou, em abril de 2021, durante a presidência portuguesa, um

estudo sobre as NTG e o seu enquadramento na legislação europeia e lançou uma audição pública a nível europeu sobre este assunto. Dos 2 300 contributos, 61% indicaram que a análise de risco para as plantas obtidas por NTG deveria ser distinta da aplicada para os OGM.

A inovação não para, e hoje já há mais plantas produzidas com NTG no mercado, incluindo tomate, banana e mostarda. É também muito relevante salientar que as NTG não se cingem ao reino vegetal.

As NTG distinguem-se do melhoramento genético convencional por serem mais precisas e de execução mais rápida. Mas, em ambos os casos, não há recurso a material genético exterior à espécie que se pretende melhorar.

³ *Ibidem*, p.6

A generalidade do mundo científico, incluindo muitos laureados com o Prémio Nobel, e a maioria da opinião pública expressou-se então a favor da criação de um quadro regulamentar específico para as NTG.

Origens da resistência à inovação com técnicas genómicas na UE

Antes de passarmos a analisar a situação atual do debate das propostas da Comissão Europeia, é importante tentar compreender por que razão na UE persiste tanta resistência à utilização de OGM, e alguns insistem que as NTG devem continuar a ser tratadas como OGM.

De um ponto de vista racional, parece-me difícil argumentar que as plantas geneticamente modificadas constituem um risco para a saúde humana, ou para o ambiente. Há 40 anos foram introduzidas nos EUA as primeiras plantas OGM, cuja utilização se espalhou pelo mundo, da América do Sul à Ásia, e mais recentemente a África. Muitas culturas são hoje maioritariamente OGM à escala mundial. Tantos anos passados, e com tanta prevalência, e não há registo de qualquer efeito nocivo para a saúde. Mesmo no que diz respeito a alergias, estudos mostram que não há um problema específico dos OGM.

A diabolização dos OGM em boa parte da UE foi feita utilizando os ingredientes fortes de campanhas de condicionamento da opinião pública: criar medo, espalhar obscurantismo. A criação de medo centrou-se em admitir a possibilidade de a utilização de genes exteriores à espécie poderem alterar o genoma humano. Aliás, o mesmo tipo de condicionamento foi utilizado, desta feita com muito pouco sucesso, para desaconselhar o uso de vacinas mRNA contra a Covid-19. O obscurantismo destas posições é claro em ambos os casos e, em particular no caso das plantas utilizadas na alimentação, é relativamente simples de compreender, pois todo o material genético

absorvido é previamente digerido, não tendo qualquer viabilidade para suscitar alterações genéticas.

Talvez no caso das plantas, com impacto direto na alimentação, tenha havido sobretudo um cálculo de prudência (injustificada) numa parte da opinião. Não vendo qualquer vantagem em comprar produtos com OGM, e influenciados por campanhas negativas, muitos consumidores preferem não o fazer.

Na verdade, a utilização de OGM beneficiou sobretudo o setor agrícola, reduzindo custos. Por exemplo, as culturas transgênicas tolerantes a herbicidas ajudam os agricultores a controlar as ervas daninhas sem danificar as plantações. Quando os agricultores usam essas culturas tolerantes a herbicidas, não precisam de lavar o solo, o que normalmente fazem para se livrar das ervas daninhas. Esse plantio direto ou sementeira direta ajuda a manter a saúde do solo e a reduzir o uso de combustível e mão de obra.

*... a utilização de OGM beneficiou sobretudo o setor agrícola, reduzindo custos. Por exemplo, as culturas transgênicas tolerantes a herbicidas ajudam os agricultores a controlar as ervas daninhas sem danificar as plantações. Quando os agricultores usam essas culturas tolerantes a herbicidas, não precisam de lavar o solo ...
Esse plantio direto ou sementeira direta ajuda a manter a saúde do solo e a reduzir o uso de combustível e mão de obra.*

A grande vantagem das NTG em relação aos OGM na opinião pública é que não utilizam material genético exterior à espécie, tornando ainda menos credível o argumento de que poderiam alterar o nosso genoma.

Uma pequena observação adicional sobre os eventuais impactos ambientais: se já na aprovação de OGM é obrigatória a análise de eventuais impactos ambientais, com as NTG os riscos diminuem. De qualquer forma, não foram sobretudo os eventuais impactos ambientais que moveram a maioria da opinião pública nestes casos.

O potencial das NTG para defesa do ambiente e do clima

A disponibilidade de plantas melhoradas com NTG tem um grande impacto na economia do setor, na defesa do ambiente e na adaptação e mitigação das

alterações climáticas. O tema não é puramente científico ou técnico, pois existem implicações concretas e muito significativas.

Sem dispor de plantas melhoradas, o setor agrícola na UE acumularia atraso em relação aos seus principais concorrentes mundiais. Se os agricultores de outros países possuírem variedades resistentes a pragas, ou a secas, ou com melhores características nutricionais, ganharão inevitavelmente competitividade em relação aos europeus.

Isso traduzir-se-ia em menores exportações e maiores importações, e afetaria também o setor agroindustrial que se aprovisiona na UE. A produção europeia diminuiria, os rendimentos dos agricultores sofreriam ainda mais. As empresas agroindustriais perderiam emprego e gerariam menos riqueza na UE, sendo empurradas para a deslocalização dos seus investimentos.

O impacto na preservação do ambiente e no combate às alterações climáticas seria igualmente prejudicado. É fácil perceber porquê: as plantas melhoradas com estas técnicas que seriam mais resistentes a pragas, por exemplo, diminuem a necessidade de utilização de pesticidas. A resistência à seca aumenta a resiliência da produção em países como o nosso. Todos os incrementos de produtividade e de qualidade com o mesmo nível de utilização de fertilizantes ou de pesticidas diminuem as emissões de gases com efeitos de estufa. As NTG proporcionam uma menor utilização de pesticidas e de fertilizantes por unidade de produção.

A importância da disponibilidade destas novas tecnologias é ainda maior no quadro da aplicação da política da União Europeia do Prado ao Prato. Recordemos que é proposto um modelo de forte restrição do uso de pesticidas (recentemente retirado, mas não necessariamente abandonado), e de fertilizantes, além do aumento da área em agricultura biológica,

para dar alguns exemplos. O impacto destas propostas é uma redução da produção agrícola europeia de entre 15 a 20%, segundo praticamente todos os estudos independentes.

O modelo que é proposto é de contração, reducionista da atividade agrícola, para preservar o ambiente e combater as alterações climáticas. É um modelo de decrescimento, empobrecedor e que não resolve nenhum problema ambiental à escala mundial, pois o que não fosse produzido na UE seria produzido noutros países com menor exigência ambiental.

Este modelo está a ser fortemente criticado pelas organizações de produtores mais representativas e, mais recentemente, por boa parte do espectro político europeu. O modelo não é único, existem

alternativas que, tendo os mesmos objetivos, permitem incrementar a produção, assegurar a segurança alimentar e não empobrecer o setor.

Um modelo alternativo usa tecnologia (por exemplo, agricultura de precisão) e inovação, para diminuir o impacto da produção sobre o ambiente e o clima. Para viabilizar esse modelo, são necessários investimentos e aprendizagem no setor agrícola, e também inovação no melhoramento das plantas. Nesse modelo, as NTG são muito relevantes, pois potenciam os efeitos positivos de outras tecnologias e práticas agrícolas.

O estado atual do debate regulamentar na UE

Retomemos o fio à meada, que deixámos no ponto em que a Comissão Europeia lançou um estudo sobre as NTG e o seu enquadramento na legislação europeia.

Na sequência desse estudo, a Comissão Europeia publicou a proposta de Regulamento do Parlamento Europeu e do Conselho relativo aos vegetais obtidos por determinadas novas técnicas genómicas e aos

... as plantas melhoradas com estas técnicas que seriam mais resistentes a pragas, por exemplo, diminuem a necessidade de utilização de pesticidas. A resistência à seca aumenta a resiliência da produção em países como o nosso. As NTG proporcionam uma menor utilização de pesticidas e de fertilizantes por unidade de produção.

géneros alimentícios e alimentos para animais deles derivados⁴. O texto dá-nos uma ideia clara da direção que a Comissão tenciona seguir, confirma as expectativas positivas criadas pelo estudo e fornece uma boa base para trabalhar neste tema, de modo a estimular a inovação e enfrentar os desafios em matéria de saúde, clima e ambiente.

Em primeiro lugar, é feita uma distinção clara entre dois grupos de NTG:

1. Plantas obtidas por mutagénesse ou cisgénesse direcionada, que também poderiam ocorrer naturalmente ou ser produzidas por melhoramento convencional (“NTG Categoria 1”) seriam tratadas da mesma forma que as procedentes de melhoramentos convencionais e não necessitariam de autorização, mas sim de simples notificação. Além disso, seria criado um registo de transparência. Se a notificação tiver lugar antes do ensaio de campo, a verificação dos critérios tem lugar a nível dos Estados-Membros e a decisão nacional tem efeitos à escala da UE e aplica-se igualmente à colocação no mercado. Para a colocação no mercado em que não tenham sido realizados ensaios de campo na UE, incluindo importações, a decisão é tomada pela Comissão, após verificação dos critérios pela Autoridade Europeia para a Segurança dos Alimentos (EFSA/AESA). Não é necessária rotulagem específica.

2. Todas as plantas NTG que não são abrangidas pelo primeiro caso são designadas “NTG Categoria 2” e seriam abrangidas pela legislação relativa aos OGM, estando por conseguinte sujeitas a um procedimento de autorização. A avaliação dos riscos seria adaptada para ter em conta os seus diferentes perfis de risco e seriam introduzidas medidas

para incentivar os produtos vegetais que podem contribuir para um sistema agroalimentar sustentável. A rastreabilidade seria mantida, assim como a rotulagem. Numa base voluntária, a rotulagem pode ser complementada com informações sobre a finalidade da modificação genética, por exemplo, para aumentar a sustentabilidade da planta. Ao contrário dos OGM, os Estados-Membros não poderiam restringir o cultivo ou a circulação destas plantas no mercado.

Serão concedidos incentivos regulamentares aos (potenciais) candidatos a plantas NTG da Categoria 2 que contenham características que possam contribuir para um sistema agroalimentar sustentável, por exemplo, um procedimento acelerado ou, se o requerente for uma PME, a isenção do pagamento de contribuições financeiras para o Laboratório de Referência da União e a Rede Europeia de Laboratórios de Referência de OGM.

No que diz respeito a estas duas categorias de NTG, as plantas NTG tolerantes a herbicidas, mesmo que satisfaçam os critérios de notificação (NTG Categoria 1), continuariam sujeitas a autorização e aos requisitos

correspondentes, a fim de se poder avaliar o seu impacto na saúde humana e animal e no ambiente a médio e longo prazo. “Há evidências de que ervas daninhas resistentes a herbicidas podem resultar do uso combinado de variedades tolerantes a herbicidas e do consumo excessivo de herbicidas associado, com impactos potenciais na saúde e no agroecossistema”, explica a

... as plantas NTG tolerantes a herbicidas, mesmo que satisfaçam os critérios de notificação (NTG Categoria 1), continuariam sujeitas a autorização e aos requisitos correspondentes, a fim de se poder avaliar o seu impacto na saúde humana e animal e no ambiente a médio e longo prazo.

Comissão.

No que se refere à produção biológica, de acordo com o projeto inicial da Comissão, as NTG1 e NTG2 seriam proibidas na produção biológica e, para tal,

⁴ https://food.ec.europa.eu/document/download/c03805a6-4dcc-42ce-959c-e4d609010fa3_pt?filename=gmo_biotech_ngt_proposal_2023-411_pt.pdf

passaria a ser obrigatório indicar a utilização de NTG na rotulagem das sementes.

Com 307 votos a favor, 263 contra e 41 abstenções, o relatório sobre o quadro jurídico das Novas Técnicas Genômicas foi aprovado pelo Parlamento Europeu. Esta é uma boa notícia que dará aos agricultores novas ferramentas para se adaptarem às alterações climáticas e utilizarem menos produtos químicos. No entanto, o Parlamento Europeu votou a favor de uma posição que difere em muitos aspetos da proposta da Comissão Europeia e que a torna muito mais restritiva.

Embora a Comissão coloque as NTG1 em pé de igualdade com as variedades convencionais, o Parlamento Europeu exige que as NTG1 cumpram os critérios de sustentabilidade e sejam submetidas a uma avaliação ambiental antes de serem colocadas no mercado. Além disso, o Parlamento exige a rotulagem obrigatória não só do material vegetal de reprodução, mas também dos produtos acabados que contenham NTG1.

Ainda que a Comissão tenha evitado a questão das patentes, adiando-a para outra legislação, o Parlamento quer impor uma proibição de patentes a Novas Técnicas Genômicas. Para a agricultura biológica, confirma-se a exclusão das NTG, mas a Comissão é convidada a rever esta decisão sete anos após a entrada em vigor do Regulamento.

Este texto terá ainda de ser negociado com o Conselho, quando os 27 Estados-Membros tiverem chegado a acordo sobre uma abordagem geral, o que ainda não aconteceu até à data.

Conclusão

As NTG são já hoje uma realidade, com grande potencial de desenvolvimento futuro. Permitem ace-

Ainda que a Comissão tenha evitado a questão das patentes, adiando-a para outra legislação, o Parlamento quer impor uma proibição de patentes a Novas Técnicas Genômicas.

A União Europeia está a ficar para trás na aplicação destas tecnologias inovadoras. Esta situação afasta cérebros e investimentos da Europa e, a persistir, poria o setor agrícola e agroindustrial europeu em situação de desvantagem concorrencial em relação aos seus competidores externos ...

lerar, tornar mais precisos e de maior alcance os melhoramentos genéticos das plantas.

A União Europeia está a ficar para trás na aplicação destas tecnologias inovadoras. Esta

situação afasta cérebros e investimentos da Europa e, a persistir, poria o setor agrícola e agroindustrial europeu em situação de desvantagem concorrencial em relação aos seus competidores externos, que possuem acesso a essas técnicas.

As NTG são também um instrumento importante para reduzir a pressão sobre o ambiente e para combater as modificações climáticas, pois permitem

reduzir o uso de pesticidas e de fertilizantes. Permitem também uma melhor adaptação às alterações climáticas, por exemplo, através de uma maior resistência das plantas à seca.

Até há poucos anos, o debate sobre as alterações genómicas estava refém da perseguição de uma parte da opi-

nião pública, e, por arrastamento, política, de que os OGM poderiam ser nocivos para a saúde e para o ambiente, devido a persistentes campanhas de medo com recurso a argumentos obscurantistas.

Hoje, a opinião maioritária parece ter compreendido que tais medos não se justificam no caso das NTG, em que não há introdução de material genético exterior à espécie.

Assim, a Comissão Europeia teve condições políticas para avançar com uma proposta de enquadramento regulamentar que respondesse globalmente às necessidades.

Mas o processo ainda não chegou a bom porto: na negociação final desta proposta convém não transpor para as NTG os empecilhos existentes na regulamentação dos OGM, limitando dessa forma os seus benefícios.

O melhoramento vegetal e as tecnologias de base molecular, em particular a edição genómica

PEDRO FEVEREIRO

Diretor Executivo do InnovPlantProtect (Laboratório Colaborativo)

Professor Catedrático Convidado do ITQB NOVA

Membro do Conselho Nacional de Ética para as Ciências da Vida

A história da humanidade está associada, desde a neolitização, ao desenvolvimento de variedades vegetais cujas características têm como finalidade suprir as necessidades humanas, quer em alimentos, para pessoas e animais, quer em materiais vários, como madeiras e fibras, quer em compostos com aplicação na saúde ou na cosmética, por exemplo.

Numa primeira fase, em diversos contextos, momentos e continentes, diversas espécies vegetais foram domesticadas, ou seja, foram retiradas do seu estado selvagem e passaram a ser cultivadas pelo homem, num ambiente distinto do ambiente natural e que podemos denominar de agroambiente. Esta domesticação deixou sinais genéticos que ainda hoje se continuam a identificar e que consistem, em muitos casos, em mutações genéticas mais

... a domesticação deixou sinais genéticos que ainda hoje se continuam a identificar e que consistem, em muitos casos, em mutações genéticas mais ou menos pontuais ...

De facto, estas estão constantemente a surgir, inclusive na atualidade: a ideia de que as moléculas de DNA que constituem o genoma de cada organismo é imutável é ilusória. Tipicamente, cada célula viva sofre, em média, dez quebras do DNA por dia, induzindo essas mutações mais ou menos pontuais.

ou menos pontuais, as quais conduziram, muitas vezes, a perda de funções associadas à resistência a fatores bióticos e abióticos e ainda a fatores relacionados com a preservação da dispersão da espécie em questão em ambiente

selvagem. Existem numerosos genes ou sequências genéticas reguladoras que foram identificadas em diversas espécies cultivadas que exemplificam estes fenómenos (Ref. 1). Este conjunto de alterações, porque partilhadas por várias espécies domesticadas, foi denominado de síndrome de domesticação.

Como surgiram estas alterações? De facto, estas estão constantemente a surgir, inclusive na atualidade: a ideia de que as moléculas de DNA que constituem o genoma de cada organismo é imutável é ilusória. Tipicamente, cada célula viva sofre, em média, dez quebras do DNA por dia, induzindo essas

mutações mais ou menos pontuais. Apesar dos mecanismos moleculares existentes de reparação do DNA (Ref. 2), estas mutações vão-se acumulando nas células dos organismos vivos. No caso das plantas, como existem meristemas florais, que dão origem a células reprodutoras, a taxa de transmissão das mutações à descendência é mais elevada do que nos animais, em particular em plantas perenes. Assim se percebe que tenha sido relativamente fácil o aparecimento e seleção pelos humanos de variedades

com características alteradas, cuja sobrevivência na natureza seria, muito provavelmente, inviável, se não fossem recolhidas e multiplicadas pelo homem. É por isso, também, que a domesticação induziu um contínuo aumento de co-dependência das espécies vegetais domesticadas e da espécie humana, já que nem a maioria das variedades modernas sobreviveria na natureza selvagem, nem a humanidade poderia ter alimento suficiente e com a qualidade necessária para sobreviver se não as cultivasse e delas cuidasse. A ideia de que as variedades cultivadas são plantas “naturais”, no sentido de que existem com as suas características atuais na natureza é completamente errada: nenhum milho, trigo, morango ou banana existiria como os conhecemos, se não os tivéssemos constantemente melhorado e se deles não cuidássemos.

Numa segunda fase, as espécies domesticadas foram sendo melhoradas no sentido de expressarem as mais diversas características desejadas. Essas características podem ser maior número de frutos por planta, resistência a um fungo patogénico, tolerância a regimes hídricos baixos, ou à salinidade, por exemplo. A forma de se conseguir obter a presença destas características numa variedade específica tem vindo

a modernizar-se. Dos processos simples de seleção visual no campo das plantas mais interessantes para reter na geração seguinte, que dependiam sobretudo

da capacidade de observação e da sensibilidade ou da “arte” do melhorador, passou-se para a utilização de vários métodos de cruzamento mais ou menos controlados entre parentais que apresentavam características desejáveis, de forma a obter descendentes com essas características combinadas. Não é possível contar-se aqui a história do melhoramento

com todos os detalhes. No entanto, é importante referir que a genética mendeliana permitiu acelerar a forma como se desenvolveram as metodologias de melhoramento e sobretudo a análise dos resultados dos cruzamentos efetuados, particularmente antes do advento da revolução criada pela descrição do

DNA, através do que se denomina genética quantitativa, mas utilizando a análise e quantificação das características fenotípicas observáveis.

A descrição do DNA e o constante acumular de conhecimentos relacionados com a funcionalidade dos diferentes componentes desta molécula, bem como o contínuo

aumento do conhecimento de como este repositório de informação é expresso, e através da sua expressão, determina as características dos seres vivos, revolucionou a forma como se faz melhoramento vegetal. E isso aconteceu quer na perspetiva da análise e seleção das descendências de vários tipos de cruzamentos, mais ou menos controlados, com a utilização de marcadores moleculares associáveis a características fenotípicas, sejam estas qualitativas ou quantitativas, quer na perspetiva da utilização de diversas técnicas para modificar a sequência do DNA, de forma a introduzir novas características, através da inclusão de sequências expressáveis ou

A ideia de que as variedades cultivadas são plantas “naturais”, no sentido de que existem com as suas características atuais na natureza é completamente errada: nenhum milho, trigo, morango ou banana existiria como os conhecemos, se não os tivéssemos constantemente melhorado e se deles não cuidássemos.

A descrição do DNA e o constante acumular de conhecimentos relacionados com a funcionalidade dos diferentes componentes desta molécula, bem como o contínuo aumento do conhecimento de como este repositório de informação é expresso ... revolucionou a forma como se faz melhoramento vegetal.

da indução de mutações no DNA da planta que alteram uma característica específica.

Nos últimos decênios do século XX, o conjunto de novas tecnologias moleculares desenvolvidas foi notável e permitiu ultrapassar, em muitas culturas, as dificuldades encontradas relativas à falta de variabilidade existente nas populações cultivadas, ou à ausência das características desejadas no germoplasma existente, ou ainda à velocidade com que uma eventual característica se conseguia transferir para as variedades desejadas, o que complicava os processos clássicos de melhoramento na produção de novas variedades. Assim, técnicas como a transferência e expressão estável de sequências codificantes, muitas delas provenientes de outros organismos, que se convencionou chamar de engenharia genética, ou a indução de mutações por agentes mutagênicos foram tecnologias que contribuíram para criar novas variedades vegetais de forma relativamente célere e com um grau de precisão relativamente elevado, quando comparado com as técnicas de melhoramento tradicionais. Estas tecnologias dependeram ainda do desenvolvimento das técnicas de diferenciação *in vitro* de plantas, que tiveram que ser otimizadas para cada uma das espécies cultivadas. Note-se que estas novas tecnologias foram e continuam a ser contestadas. Os argumentos utilizados para a sua contestação continuam presentes, desde argumentos ambientais e religiosos, até argumentos éticos, sociais, comerciais e políticos. Na realidade, todos eles se baseiam no medo da utilização de tecnologia para aumentar a velocidade e precisão de processos de melhoramento que foram desde a neolitização utilizados pelas pessoas. Durante esta fase, foi também possível, recorrendo à engenharia genética e a

Nos últimos decênios do século XX, o conjunto de novas tecnologias moleculares desenvolvidas foi notável e permitiu ultrapassar, em muitas culturas, as dificuldades encontradas ...

Note-se que estas novas tecnologias foram e continuam a ser contestadas.

Atualmente, existem mais de 900 espécies de plantas cujo genoma está sequenciado e em algumas delas estão também sequenciadas diferentes variedades ...

Este conhecimento é fundamental para que se possa associar mais rapidamente a função de um determinado gene ou sequência gênica reguladora a uma determinada característica.

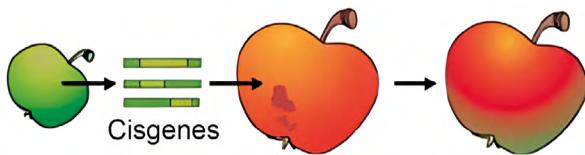
plantas modelo, caracterizar a funcionalidade de muitos genes e sequências reguladoras da expressão gênica, isto é, saber qual a característica que é controlada por uma determinada sequência genômica.

A sequenciação do genoma da *Arabidopsis thaliana* em 2000 (Ref. 3) e do genoma humano em 2003 (Ref. 4) transportou o melhoramento das culturas vegetais para uma nova era. Esta nova era surge com a capacidade de descrever em detalhe e completamente o genoma de cada uma das espécies cultivadas e mesmo descrever detalhadamente o genoma das diversas variedades dentro de cada espécie cultivada. Atualmente, existem mais de 900 (Ref. 5) espécies de plantas cujo genoma está sequenciado e em algumas delas estão também sequenciadas diferentes variedades, o que permite o acesso à informação relativa à variação alélica presente. Este conhecimento é fundamental para que se possa associar mais rapidamente a função de um determinado gene ou sequência gênica reguladora a uma determinada característica. Como exemplo, foi possível identificar nas plantas diferentes alelos de genes de resistência a doenças (Ref. 6). É também fundamental para identificar com precisão a sequência gênica à qual está associada uma determinada função.

Uma das tecnologias que se desenvolveu com a capacidade de sequenciar rápida e economicamente os genomas foi a tecnologia denominada de GWAS – *Genome Wide Association Studies* (estudos de associação genômica ampla). Estes estudos permitem associar SNP – *Single Nucleotide Polymorphisms* (polimorfismos de nucleótidos únicos) à presença/ausência de uma determinada característica numa

variedade vegetal. Permitem igualmente identificar as variantes alélicas que transportam uma determinada característica, sendo possível identificar nas gerações seguintes a sua presença-ausência. Também possibilitam a identificação de uma variante alélica que poderá ser transferida por cisgênese para outra variedade da mesma espécie através de engenharia genética, sem qualquer alteração da sua sequência genômica (Figura 1).

Figura 1 – Exemplo de cisgênese: alteração do material genético de uma variedade de maçã por transferência de uma variante alélica de uma maçã de outra variedade



Fonte: Schouten et al. 2006¹

Ao mesmo tempo que se sequenciavam e exploravam os genomas vegetais, uma nova tecnologia começou a ser desenvolvida. Esta tecnologia baseia-se na capacidade de desenvolver sistemas enzimáticos capazes de cortar as duas cadeias do DNA em locais específicos e assim criar condições para editar com precisão a sequência onde o corte é realizado. Desta forma, surgiram (e continuam a surgir) técnicas baseadas em moléculas que existem em determinados organismos que permitem realizar um desiderato fundamental: alterar o código genético de uma sequência conhecida, com total precisão, e assim modificar a sua função. Esta tecnologia é denominada de edição genética.

Uma destas ferramentas, o CRISPR-Cas9, valeu a Emmanuelle Charpentier e Jennifer Doudna o Prémio Nobel da Química em 2020. A criação desta ferramenta tem uma história longa, em que ambas as investigadoras têm uma função determinante (Ref. 7). É esta tesoura molecular que está já a ser utili-

zada em todo o mundo para alterar de forma precisa genes ou sequências reguladoras da expressão génica, para se obterem plantas com características adequadas às nossas necessidades. Porque é que existe tanta esperança nesta tecnologia e nas que se lhe sucederão? A primeira razão é porque é possível decidir, com precisão, onde esta ferramenta deve atuar. Sabendo-se a função da sequência que se quer modificar, é possível alterar a característica que a ela está associada. A segunda razão é que é uma tecnologia barata, comparada com outras tecnologias de modificação genética. A terceira razão é a velocidade com que se obtém o produto desejado, mais rapidamente do que com outras tecnologias. A quarta é que, apesar de serem necessárias técnicas de engenharia genética, o produto final não conterà, no caso de se querer apenas silenciar um gene ou introduzir uma modificação pontual (um nucleótido), qualquer sequência de DNA estranha. Finalmente, sendo uma tecnologia relativamente simples poderá ser utilizada por empresas e centros de investigação para desenvolver variedades necessárias para desafios locais ou regionais.

Uma destas ferramentas, o CRISPR-Cas9 ... está já a ser utilizada em todo o mundo para alterar de forma precisa genes ou sequências reguladoras da expressão génica, para se obterem plantas com características adequadas às nossas necessidades.

Como funciona esta ferramenta molecular? A Cas9 é uma enzima que tem dois centros ativos que se ligam um a cada uma das cadeias de DNA. Para além desta funcionalidade, a Cas9 tem também uma região à qual se pode ligar uma sequência de RNA (que se denomina de

CRISPR). É possível desenhar a sequência de RNA de forma a que ela seja complementar a uma sequência específica do DNA que se quer modificar. Essa sequência tem que ter numa das suas extremidades uma pequena sequência denominada PAM (*protospacer-adjacent motif*), que tem que ter três “letras” na sua extremidade, em que duas delas são G (NGG) e a terceira é uma das outras três letras do código (A, T, C). Ao introduzir esta ferramenta molecular numa célula, o RNA que servirá de guia vai procurar a região complementar do DNA e ligar-se a esta região,

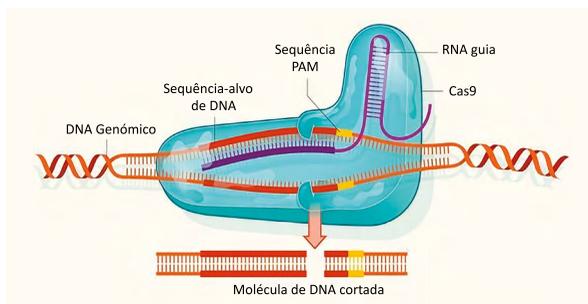
¹ <https://doi.org/10.1038/sj.embor.7400769>

permitindo à Cas9 cortar as duas cadeias de DNA-alvo (Figura 2).

O que acontece ao DNA cortado? É reparado por um dos mecanismos de reparação do DNA existentes nas células. Dependendo do mecanismo de reparação mais ativo e da disponibilidade de sequências de DNA complementares da região onde se deu o corte, a reparação pode induzir uma mutação que silencia a expressão da sequência de DNA-alvo (mutagênese dirigida), tendo a Comissão Europeia denominado este produto de NTG1 (Novas Técnicas Genômicas), ou introduz uma alteração na sequência, podendo transformá-la numa variante alélica funcional ou mesmo introduzindo uma nova sequência com uma nova funcionalidade, produtos aos quais foi dada a denominação de NTG2.

Os diferentes resultados que se referiram não são os únicos possíveis, sendo que a utilização desta ferramenta molecular se pode estender as outras finalidades, que podem incluir, por exemplo, a modulação da expressão de um determinado gene (Ref. 8).

Figura 2 – Mecanismo de funcionamento da ferramenta genética CRISPR-Cas9



**O que acontece ao DNA cortado?
É reparado por um dos mecanismos de reparação do DNA existentes nas células.**

... a reparação pode induzir uma mutação que silencia a expressão da sequência de DNA-alvo (mutagênese dirigida), NTG1, ou introduz uma alteração na sequência, podendo transformá-la numa variante alélica funcional ou mesmo introduzindo uma nova sequência com uma nova funcionalidade, NTG2.

Na esfera da investigação, existem numerosos exemplos que demonstram que esta tecnologia permite a obtenção rápida de plantas com características desejadas. Há mais de 700 aplicações desta tecnologia publicadas em revistas científicas em pelo menos 67 culturas diferentes que incluem o arroz, o tomate, o milho, a soja e o trigo.

Na esfera da investigação, existem numerosos exemplos que demonstram que esta tecnologia permite a obtenção rápida de plantas com características desejadas. Há mais de 700 aplicações desta tecnologia publicadas em revistas científicas em pelo menos 67 culturas diferentes que incluem o arroz, o tomate, o milho, a soja e o trigo. As características introduzidas são diversas e relevantes quer para os agricultores (por exemplo, introdução de características de valor agrônomico) quer para os consumidores (por exemplo, qualidade nutritiva). A maioria das aplicações são pequenas alterações genéticas direcionadas, as quais pertencem à categoria NTG-1 (categoria definida pela Comissão Europeia que engloba os produtos obtidos por mutagênese dirigida com até 20 nucleótidos de alteração). As aplicações desenvolvidas demonstram que esta tecnologia pode contribuir para cumprir os objetivos do Pacto Ecológico Europeu (*Green Deal*) e da Estratégia do Prado ao Prato.

Um exemplo das potencialidades desta tecnologia é a utilização da edição genética para produzir variedades de tomate com diferente número de ramificações e de tamanho de frutos (Figura 3). Os autores provam que, com esta tecnologia, é possível modificar, separadamente, o tamanho dos frutos, o seu peso, os ramos que produzem flores e a quantidade de flores, bem como a arquitetura das plantas (Ref. 9).

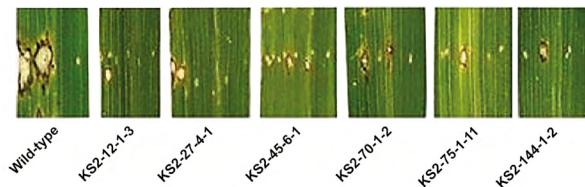
Outro exemplo é o aumento de resistência do arroz à piriculariose, através da mutagênese dirigida de um gene de um fator de transcrição (ERF) que facilita

Figura 3 – Ramos de tomate provenientes de diferentes linhas editadas



a interação entre a planta e o agente patogénico, o fungo *Magnaphorte oryzae* (Ref. 10) (Figura 4).

Figura 4 – Folha de planta não modificada (wild type) e linhas de plantas editadas geneticamente para silenciar o gene ERF. É visível a redução das lesões provocadas pelo agente patogénico



Já existem produtos desta tecnologia no mercado internacional. Um destes produtos é o tomate GABA. Esta variedade foi autorizada pelas autoridades japonesas em 2021, tendo este tomate chegado a milhares de jardineiros, agricultores e consumidores em 2022. Esta variedade foi editada para aumentar a acumulação de ácido γ -aminobutírico ou GABA. Este composto é amplamente consumido como um suplemento que reivindica a diminuição da pressão arterial, e a melhoria do humor.

Outro exemplo é o silenciamento de genes que codificam as polifenol oxidases em frutos. Quando expostos ao ar, as bananas e muitos outros frutos, como maçãs e abacates, começam a oxidar, ficando castanhos devido à atividade destas enzimas sobre os compostos fenólicos dos próprios frutos. Estas rea-

Para muitos autores, a edição genómica permite um verdadeiro melhoramento de precisão e também a possibilidade de uma domesticação de novo das variedades cultivadas ...

Ao contrário dos que defendem o retorno a uma agricultura “natural”, que na realidade nunca existiu, e a processos em que a aleatoriedade e a morosidade eram a norma, temos o dever ético de utilizar as ferramentas modernas e cientificamente comprovadas para suprir as necessidades da humanidade.

ções causam também a produção de sabores e odores desagradáveis, bem como redução na qualidade nutricional. Ao silenciar a expressão destes genes utilizando a CRISPR/Cas9, as bananas podem permanecer amarelas por mais tempo. O Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA) deu já autorização para a comercialização destas bananas.

Para muitos autores, a edição genómica permite um verdadeiro melhoramento de precisão e também a possibilidade de uma domesticação *de novo* das variedades cultivadas (Ref. 11). De facto, esta tecnologia, acompanhada pela cisgénese, permitirá inclusive recorrer a espécies selvagens aparentadas das variedades cultivadas e delas retirar e introduzir nas cultivares variantes alélicas úteis, ou a informação necessária para introduzir variações pontuais de características perdidas durante a domesticação e que podem ser úteis para fazer face às constantes alterações climáticas e bióticas.

Em jeito de conclusão, não parece fazer sentido não se utilizar o novo conjunto de tecnologias moleculares atualmente ao nosso dispor para desenvolver cultivares que possam ajudar a humanidade a fazer face aos desa-

fios de garantir a segurança alimentar a todos os seres humanos. Apesar de toda a discussão à volta de como se poderá distribuir melhor ou desperdiçar menos alimentos, a verdade é que será a produção agroalimentar local, reduzindo o impacto ambiental dessa produção e assegurando a manutenção das,

já poucas, áreas naturais que permitirá dar essa garantia de alimentar o mundo.

A capacidade atual de gerir de forma eficiente os genomas das plantas cultivadas tem que ser utilizada, de forma sábia e bondosa, é certo, para acelerar a criação de cultivares tolerantes às condições edafo-climáticas locais, aos

novos stresses bióticos e abióticos e às alterações climáticas bruscas. Insistir que apenas o melhoramento tradicional é suficiente e o único seguro (porque moroso) é inaceitável e imprudente. Ao contrário dos que defendem o retorno a uma agricultura “natural”, que na realidade nunca existiu, e a processos em que a aleatoriedade e a morosidade eram a norma, temos o dever ético de utilizar as ferramentas modernas e cientificamente comprovadas para suprir as necessidades da humanidade. Se a adoção colide com regulamentação antiquada e ideologicamente sustentada, é essa regulamentação que tem que ser alterada.

Bibliografia

- Gross BL, Olsen KM. (2010) Genetic perspectives on crop domestication. *Trends Plant Sci.* 15(9): 529-37. doi: 10.1016/j.tplants.2010.05.008.
- Vasilissa M, Damian G. (2015) DNA damage and repair in plants – from models to crops. *Frontiers in Plant Science*, 6. doi: 10.3389/fpls.2015.00885
- The Arabidopsis Genome Initiative (2000). Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature* 408, 796–815. doi: 10.1038/35048692
- The Human Genome Project – <https://www.genome.gov/about-genomics/educational-resources/fact-sheets/human-genome-project> (accedido em 15 de Abril de 2024)
- Darwin Tree of Life – https://www.darwintreeoflife.org/news_item/genomes-great-and-small-the-diversity-of-plants/ (accedido em 15 de Abril de 2024)
- van Esse, H.P., Reuber, T.L. and van der Does, D. (2020). Genetic modification to improve disease resistance in crops. *New Phytol*, 225: 70-86. doi: 10.1111/nph.15967
- Gostimskaya I. CRISPR-Cas9: A History of Its Discovery and Ethical Considerations of Its Use in Genome Editing. (2022). *Biochemistry (Mosc)*. 87(8):777-788. doi: 10.1134/S0006297922080090.
- Morgante CV, Arraes, FBM, Moreira-Pinto CE, Melo BP, Grossi-de-Sa MF. Modulation of gene expression in plants via CRISPR/dCas9 technology <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/223429/1/CRISPR-Ing-Cap-4.Modulation-of-gene.pdf> (accedido em 15 de Abril de 2024)
- Rodríguez-Leal D, Lemmon ZH, Man J, Bartlett ME, Lippman ZB. (2017) Engineering Quantitative Trait Variation for Crop Improvement by Genome Editing. *Cell* 171(2):470-480.e8. doi: 10.1016/j.cell.2017.08.030.
- Wang F, Wang C, Liu P, Lei C, Hao W, Gao Y, Liu YG, Zhao K. (2016) Enhanced Rice Blast Resistance by CRISPR/Cas9-Targeted Mutagenesis of the ERF Transcription Factor Gene OsERF922. *PLoS One* 11(4):e0154027. doi: 10.1371/journal.pone.0154027.
- Sarah D Turner-Hissong SD, Mabry ME, Beissinger TM, Ross-Ibarra J, Pires JC. Evolutionary insights into plant breeding. *Current Opinion in Plant Biology*, 54: 93-100, 2020. doi: 10.1016/j.pbi.2020.03.003.

Novas Técnicas Genômicas: alegações duvidosas em matéria de produtividade, sustentabilidade e segurança

MICHAEL ANTONIOU*, CLAIRE ROBINSON**

* *Professor de Genética Molecular e Toxicologia, King's College London, Reino Unido*

** *Co-diretora, GMWatch, Reino Unido*

Os métodos de modificação genética têm sido promovidos como uma forma de resolver os problemas da produção alimentar e da agricultura desde meados da década de 1990, altura em que as culturas e os alimentos “transgênicos” geneticamente modificados (GM) (sobretudo, soja e milho) foram introduzidos com base numa vaga de alegações acerca da sua produtividade e sustentabilidade.¹ No entanto, estas promessas não foram cumpridas: a produtividade não aumentou² e a utilização de pesticidas não diminuiu – antes pelo contrário, aumentou.³ E a atividade agrícola não foi facilitada, uma vez que as infestantes se tornaram resistentes aos herbicidas (especificamente, ao glifosato), os quais as culturas GM foram concebidas para tolerar,⁴ e que as pragas de insetos desenvolveram resistência ao inseticida toxina Bt [*Bacillus thuringiensis*], o qual as culturas GM foram concebidas para produzir.⁵

Agora, a nova geração de culturas GM, produzida com recurso às chamadas “Novas Técnicas Genômicas” (NTG), como a edição genética, é apresentada como estando destinada a ter êxito onde os transgênicos falharam. Os seus defensores afirmam que as NTG, e em particular a edição genética, fazem alterações “precisas” no genoma de um organismo, alterações essas que imitam o que pode acontecer na natureza através da reprodução normal ou da mutação natural, permitindo que características desejáveis sejam introduzidas nas plantas de forma fiável e segura. Os resultados, dizem-nos, são previsíveis, pelo que as plantas NTG não prejudicarão a saúde nem o ambiente.

Mas será que as coisas mudaram de facto com a chegada das NTG? Se olharmos atentamente para a evi-

¹ https://www.isaaa.org/resources/publications/downloads/biosafety_bk.pdf

² <https://www.ers.usda.gov/publications/pub-details/?pubid=45182>; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28230933>; <http://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/14735903.2013.806408#.UrnaHfYnuUc>

³ <http://www.enveurope.com/content/24/1/24>

⁴ <http://www.enveurope.com/content/24/1/24>; <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ps.4760>; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29024306/>

⁵ <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36610076/>; <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0169115>;

<https://www.dtnpf.com/agriculture/web/ag/crops/article/2020/09/29/epa-proposes-phasing-dozens-bt-corn>;

<https://www.nature.com/articles/s41477-020-0615-5>

dência científica, há razões sólidas para duvidar das alegações feitas sobre os produtos NTG.

Produtividade

Diz-se que as NTG são capazes de gerar culturas com maior produtividade. No entanto, esta alegação baseia-se em fé e discurso de *marketing*, não na ciência. Características agronômicas como produtividade mais elevada, resistência a doenças e agentes patogênicos e tolerância a pressões ambientais são geneticamente complexas – ou seja, têm por base o funcionamento de muitas famílias de genes. Poder-se-á dizer que são por natureza “omnigênicas”.⁶

Este tipo de função genética combinatória, complexa e equilibrada, e em grande escala, está muito para além do que as abordagens GM, como as NTG, podem proporcionar, que é a manipulação de um ou alguns genes. Nesse sentido, não existe um “gene GM” para o aumento de produtividade. Só o melhoramento convencional, em alguns casos com a ajuda da ferramenta biotecnológica não GM “Seleção Assistida por Marcadores” (SAM), pode produzir as grandes combinações de genes que conferem de forma consistente características complexas como o aumento de produtividade. (Ver mais adiante alguns exemplos de casos de sucesso no melhoramento convencional amplificado por SAM).

Além disso, afirmar que temos de aumentar a produtividade das culturas para alimentar as centenas de milhões de pessoas que passam fome todos os dias e para sustentar a crescente população mundial ignora três factos socioeconómicos fundamentais:

Diz-se que as NTG são capazes de gerar culturas com maior produtividade. No entanto, ... Características agronômicas como produtividade mais elevada, resistência a doenças e agentes patogênicos e tolerância a pressões ambientais são geneticamente complexas – ou seja, têm por base o funcionamento de muitas famílias de genes. ... não existe um “gene GM” para o aumento de produtividade.

Além disso ... Já em 2011, os consultores do Banco Mundial afirmavam que estavam a ser produzidos alimentos suficientes para alimentar 14 mil milhões de pessoas.

i) Já em 2011, os consultores do Banco Mundial afirmavam que estavam a ser produzidos alimentos suficientes para alimentar 14 mil milhões de pessoas⁷ – muito mais do que a população de 9,7 mil milhões prevista para 2050. Uma investigação atualizada em 2020 pela organização Bloomberg Green concluiu que, em termos de quantidade de alimentos produzidos, “*poderíamos alimentar a população de duas Terras sem desflorestar mais um único hectare de terra*”.⁸ Produzir alimentos suficientes não é um problema.

ii) Cerca de 40% dos alimentos produzidos são desperdiçados, quer na exploração agrícola, quer nas fases de venda ou consumo.⁹

iii) As pessoas têm fome não porque a produção de alimentos seja insuficiente, mas porque são demasiado pobres para comprarem os alimentos que estão disponíveis, mesmo nos países menos ricos. A principal causa da fome é a pobreza.

⁶ <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5536862/>; <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0002929721002718>

⁷ <https://tinyurl.com/mpae4my8>

⁸ <https://archive.ph/rtVDg#selection-3029.260-3029.345>

⁹ <https://www.worldwildlife.org/publications/driven-to-waste-the-global-impact-of-food-loss-and-waste-on-farms>

Se as abordagens GM, como as NTG, não resolverem o problema da fome, o que resolverá? O relatório IAASTD¹⁰, patrocinado pelo Banco Mundial e pelas Nações Unidas e conduzido por mais de 400 cientistas, não recomendou os OGM para alimentar os que têm fome. O relatório salienta que o rendimento das culturas GM é “extremamente variável” e que as patentes sobre estas culturas podem comprometer a segurança alimentar – que é mais bem assegurada pela agroecologia¹¹.

Finalmente, a engenharia genética não detém o monopólio da inovação e do progresso. A agroecologia já tem soluções para muitos problemas alimentares e agrícolas, e esta área continuará a crescer em termos de conhecimento e eficácia. Este crescimento seria acelerado se os recursos e o financiamento que são atualmente dedicados a hipotéticas “soluções” GM fossem desviados para a investigação e a expansão agroecológica.

Sustentabilidade

Prometem-nos culturas NTG resistentes a pragas e doenças e mais capazes de tolerar pressões ambientais como o calor e a seca. Segundo esta narrativa, as culturas GM NTG ajudarão a enfrentar os desafios das alterações climáticas e a tornar a agricultura mais sustentável, nomeadamente através da redução da utilização de pesticidas (herbicidas, inseticidas, fungicidas) – um objetivo fundamental do Pacto Ecológico e da Estratégia do Prado ao Prado.

Cerca de 40% dos alimentos produzidos são desperdiçados ... A principal causa da fome é a pobreza.

... serão as novas culturas NTG melhores do que as culturas GM de primeira geração na redução da utilização de pesticidas? Os dados disponíveis até à data sugerem que não.

Estas novas plantas GM continuarão a tendência das culturas GM mais antigas tolerantes a herbicidas, que levaram a um aumento da utilização deste tipo de fitofármacos.

Mas serão as novas culturas NTG melhores do que as culturas GM de primeira geração na redução da utilização de pesticidas? Os dados disponíveis até à data sugerem que não. Uma investigação do Centro Comum de Investigação (JRC/CCI) da Comissão Europeia (CE) concluiu que, das culturas NTG que estão prestes a ser comercializadas, o maior grupo em termos de características (6 em 16 plantas) é o da tolerância a herbicidas.¹²

Estas novas plantas GM continuarão a tendência das culturas GM mais antigas tolerantes a herbicidas, que levaram a um aumento da utilização deste tipo de fitofármacos.¹³

Um relatório da organização da sociedade civil Foodwatch concluiu que a principal forma de reduzir a utilização de pesticidas já está disponível sob a forma de rotações e diversidade de culturas. Mesmo que fossem produzidas variedades de culturas NTG resistentes a doenças, os respetivos desenvolvimento e ensaios demorariam anos. Além disso, a conversão de culturas como a uva para novas variedades NTG será dispendiosa e inútil, dado o curto tempo de vida esperado para a resistência a doenças geneticamente modificada (que pode envolver apenas um ou alguns genes) face a agentes patogénicos em rápida mutação.

Além disso, quase 80% da utilização de pesticidas na UE é constituída por herbicidas e fungicidas, e não há soluções NTG disponíveis ou em preparação que possam reduzir substancialmente esta utilização. O relatório conclui que “*não estão disponíveis culturas geneticamente modificadas adequadas para*

¹⁰ IAASTD – International Assessment of Agricultural Knowledge, Science and Technology for Development

¹¹ <https://tinyurl.com/y5bxkld3>

¹² <https://publications.jrc.ec.europa.eu/repository/handle/JRC123830>. Representação gráfica dos dados: https://datam.jrc.ec.europa.eu/datam/mashup/NEW_GENOMIC_TECHNIQUES/

¹³ <http://www.enveurope.com/content/24/1/24>; <https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.1600850>

atingir os objetivos da Estratégia do Prado ao Prado. E essa disponibilidade não deverá existir nos próximos 10 a 15 anos” – pelo que o potencial das NTG para reduzir a utilização de pesticidas “parece ser atualmente quase nulo”.¹⁴

Estas conclusões têm por base uma análise que relacionou os objetivos de desenvolvimento sustentável da UE com as características relevantes das plantas e analisou a investigação existente com plantas cultivadas NTG para verificar se as características pretendidas poderiam cumprir aqueles objetivos. Os investigadores centraram-se nas características de tolerância à seca e de resistência a doenças fúngicas. Verificaram que não existem no mercado plantas NTG com tolerância à seca. No que diz respeito à resistência a doenças, não existe nenhuma planta NTG prestes a ser comercializada capaz de resistir a mais do que um fator de stress ou a diferentes ambientes – o que é vital para a resiliência no terreno.

Os investigadores concluíram que o desenvolvimento de novas plantas GM não será suficiente para atingir os objetivos de sustentabilidade da UE. E que, para tal, será necessário recorrer a várias medidas agrícolas, cujo desenvolvimento exigirá uma “atenção e esforços de investigação comparáveis” aos atualmente aplicados às plantas NTG.¹⁵

Os investigadores concluíram que o desenvolvimento de novas plantas GM não será suficiente para atingir os objetivos de sustentabilidade da UE.

Em contrapartida, o melhoramento convencional já conseguiu desenvolver culturas com características desejáveis, como a tolerância à seca e a resistência a doenças.

Além disso, quando se trata de sustentabilidade e resiliência face às alterações climáticas, a genética é apenas parte da solução. Não basta concentrarmo-nos em características isoladas – são os sistemas agrícolas que dão sustentabilidade e resiliência.

Em contrapartida, o melhoramento convencional já conseguiu desenvolver culturas com características desejáveis, como a tolerância à seca e a resistência a doenças.

Por exemplo, o projeto *Drought Tolerant Maize for Africa* (Milho tolerante à seca para África) desenvolveu 153 novas variedades para melhorar a produtividade em 13 países. Em ensaios de campo, estas variedades igualam ou excedem as produtividades das sementes comerciais em condições de boa pluviosidade e produzem até 30% mais em condições de seca.¹⁶ Foram desenvolvidas novas variedades de feijão-frade com elevada tolerância ao calor e à seca.¹⁷ E a Syngenta desenvolveu tomates resistentes a

vírus, recorrendo a melhoramento convencional acelerado por SAM. A Syngenta declarou: “No passado, a investigação e o desenvolvimento de uma variedade resistente ao vírus podiam demorar até 10 anos. No entanto, os investigadores da Syngenta conseguiram condensar o processo para menos de três anos, o que resultou da identificação de fontes de resistência ao vírus nas linhagens de sementes existentes na empresa.”¹⁸

Além disso, quando se trata de sustentabilidade e resiliência face às alterações climáticas, a genética é apenas

parte da solução. Não basta concentrarmo-nos em características isoladas – são os sistemas agrícolas que dão sustentabilidade e resiliência. O *Farming*

¹⁴ https://www.foodwatch.org/fileadmin/-INT/pesticides/2023-01-30_foodwatch_Pesticides_and_NGTSs.pdf

¹⁵ <https://www.mdpi.com/2223-7747/11/2/212/htm>

¹⁶ <https://www.nature.com/articles/513292a>

¹⁷ <https://agrilifetoday.tamu.edu/2013/04/10/new-cowpea-varieties-offer-promise-in-south-africa-other-parts-of-the-world/>

¹⁸ <https://www.syngentagroup.com/en/our-stories/syngenta-expands-arsenal-in-the-global-battle-against-a-tomato-virus>

*Systems Trial*¹⁹ do Instituto Rodale, realizado ao longo de 40 anos, mostra que os sistemas de agricultura biológica podem não só igualar as produtividades convencionais das principais culturas, como o milho e a soja, mas também proporcionar produtividades 30% mais elevadas durante as secas, devido ao teor superior de matéria orgânica do solo.²⁰

Segurança

As principais preocupações éticas suscitadas pela utilização de NTG na agricultura são os riscos para a saúde, o ambiente e a agricultura, devido aos problemas e limitações inerentes a estas tecnologias. Estas questões não podem ser ignoradas, independentemente dos alegados benefícios das NTG, e conduzirão inevitavelmente a desafios socioeconómicos para os agricultores e a questões de confiança na cadeia alimentar.

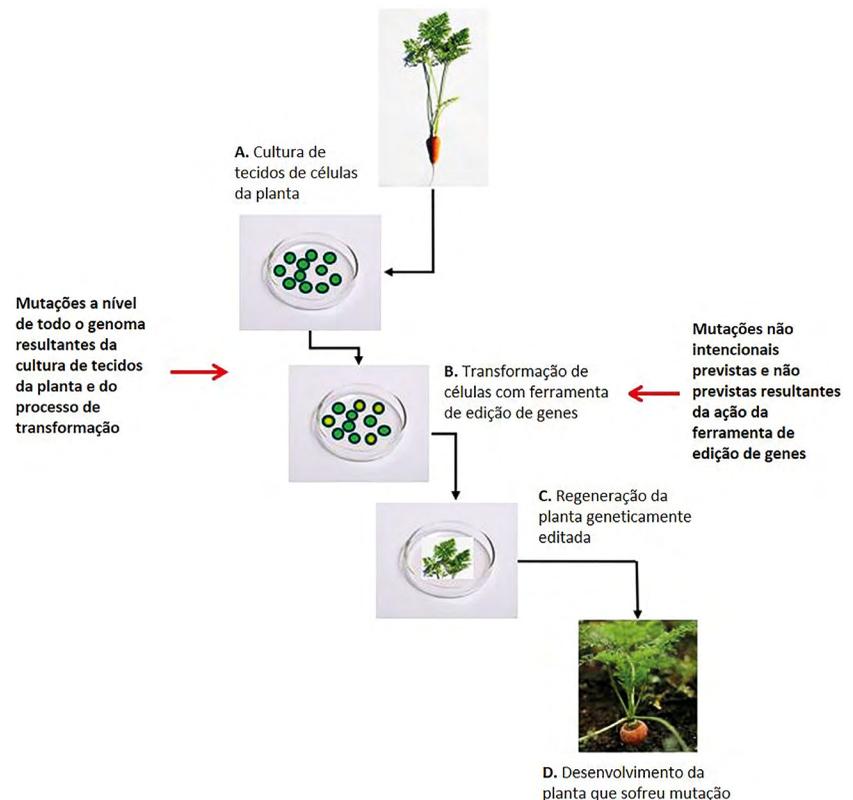
As NTG são inquestionavelmente tecnologias de modificação genética – métodos laboratoriais artificiais para alterar a composição genética de uma planta ou animal. Tal como as técnicas transgénicas GM mais antigas, as NTG não têm qualquer semelhança com o melhoramento natural (Figura 1). A alegação de precisão das NTG baseia-se no facto de os criadores tentarem fazer uma modificação dirigida num

... os processos de NTG ... são propensos a danos não intencionais no ADN (mutações) em grande escala e em todo o genoma. Estas mutações não intencionais incluem grandes deleções, inserções e rearranjos do ADN, que afetam a função de muitos genes.

gene existente ou uma inserção dirigida de um transgene estranho numa região pré-determinada do genoma.

No entanto, o que os defensores destas técnicas não admitem é que os processos de NTG, incluindo a edição gené-

Figura 1 – As NTG, como a edição genética, são procedimentos laboratoriais artificiais de modificação genética extremamente propensos a mutações imprevisíveis e não intencionais de múltiplos tipos e em grande número. Ilustração das várias etapas necessárias para produzir uma planta com edição genética. **A.** Isolamento das células da planta (por exemplo, cenoura) a editar e crescimento em cultura laboratorial de tecidos. **B.** Introdução da ferramenta de edição genética nas células da planta (transformação celular); apenas algumas das células (marcadas a amarelo) serão editadas. **C.** Alteração das condições da cultura celular para regenerar as plantas (cenoura). **D.** Retirada das plantas editadas do prato de cultura de tecidos e desenvolvimento em solo como habitual. Sabe-se que as etapas de cultura de tecidos de células vegetais e de transformação celular produzem centenas ou milhares de locais de danos não intencionais no ADN, muito para além de quaisquer mutações indesejáveis resultantes da ação da ferramenta de edição genética. As fotografias de plantas de cenoura são da autoria de Michael C e Viktoriia Filipchenko em unsplash.com.



¹⁹ O FST, Ensaio de Sistemas Agrícolas, é um projeto de investigação para análise e documentação dos diferentes impactos dos sistemas de cultivo de cereais biológicos e convencionais. (Nota de Tradução)

²⁰ <https://rodaleinstitute.org/science/farming-systems-trial/>

tica mediada por CRISPR, quando considerados no seu todo (cultura de tecidos vegetais, transformação genética de células vegetais, ação da ferramenta de edição genética) são propensos a danos não intencionais no ADN (mutações) em grande escala e em todo o genoma. Estas mutações não intencionais incluem grandes deleções, inserções e rearranjos do ADN, que afetam a função de muitos genes. Os processos transgênicos GM e de edição genética produzem, no seu conjunto, centenas ou milhares de mutações não intencionais e aleatórias no ADN, em número muito superior ao da variação genética resultante da reprodução natural ou da mutagenese aleatória.²¹

Um estudo sobre o arroz mostrou que o processo de edição genética CRISPR/Cas (cultura de tecidos vegetais, transformação genética de células vegetais) produziu várias vezes mais locais de mutação do ADN do que múltiplas rondas de reprodução natural.²²

No entanto, não é apenas uma questão de quantas mutações não intencionais surgem, mas também onde ocorrem e o que fazem. A variação genética que resulta da reprodução natural não é aleatória – áreas cruciais do genoma estão protegidas contra alterações genéticas. Em contrapartida, a edição genética pode produzir mutações que seriam difíceis ou impossíveis de produzir através do melhoramento convencional ou do melhoramento por mutagenese aleatória.²³ As alterações que acontecem no melhoramento convencional ocorrem de uma forma evolutiva dirigida, como resposta de adaptação da planta ao ambiente.²⁴ Como os agricultores que guardam e plantam as suas próprias sementes sabem, o desempenho das culturas melhora ao longo dos anos, à medida que a genética da planta se adapta às condições da exploração agrícola.

Outra distinção crucial entre as alterações induzidas pelas NTG e os processos naturais é o enorme

aumento de escala. Como se afirma numa análise da política de regulamentação das NTG: “a utilização de novas técnicas de edição do genoma e de silenciamento de genes poderá provocar alterações biológicas numa grande escala geográfica/espacial e em várias espécies” – um tipo de intervenção sem precedentes na natureza e que acarreta um aumento de risco.²⁵

Todos os genes funcionam integrados numa rede ou ecossistema.²⁶ Assim, a alteração de apenas um gene pode ter impactos importantes na bioquímica de um organismo. No caso das NTG e dos transgênicos mais antigos, muitas funções genéticas serão alteradas, o que conduzirá a alterações nos padrões de funcionamento dos genes e a alterações bioquímicas e de composição, que poderão incluir a produção de novas toxinas e alergénios. Estas alterações não intencionais podem constituir uma ameaça para a saúde, o ambiente e a produtividade dos agricultores.

Riscos e ciência ignorados na proposta de desregulamentação

A proposta da CE de enfraquecer a regulamentação relativa às NTG²⁷ está a ser analisada pelo Conselho e pelo Parlamento. Nesta proposta, a CE enumera os critérios que qualificam uma planta como “NTG de categoria 1” isentando-a da avaliação de riscos para a saúde e o ambiente, bem como dos requisitos de rastreabilidade e de rotulagem para os consumidores. O Anexo I da proposta estabelece que qualquer planta NTG que tenha até 20 locais de modificação genética em localizações previstas, por ferramentas informáticas (bioinformáticas), incluindo essencialmente qualquer tipo de mutação genética (pequenas/grandes deleções, inserções e rearranjos de ADN), será classificada como de Categoria 1.

²¹ <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22530509/>; <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fbioe.2023.1276226/full>

²² <https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-018-1458-5> Ver Figura 2, painéis A e B.

²³ <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2019.00525/full>; <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fbioe.2023.1276226/full>

²⁴ <https://www.nature.com/articles/s41586-021-04269-6>

²⁵ <https://doi.org/10.1525/elementa.2021.00086>

²⁶ <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27485388/>; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34800849/>

²⁷ <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/HTML/?uri=CELEX:52023PC0411>

Mais recentemente, o Parlamento Europeu votou alterações aos critérios da Categoria 1. Uma das alterações estipula que deve ser permitido um máximo de três alterações na parte de qualquer gene que codifica a proteína – e qualquer número de mutações em regiões do gene que não codificam a proteína (elementos reguladores e intrões que separam a parte que codifica a proteína).²⁸

No entanto, nem a proposta original nem a proposta alterada têm qualquer fundamento científico.

Primeiro, não é apresentada qualquer justificação científica para o número de mutações que se presume serem seguras. Uma única mutação num só gene pode ter consequências importantes no funcionamento da rede de genes e proteínas, levando a alterações na bioquímica e na composição de uma planta, com consequências potencialmente catastróficas para a saúde ou o ambiente. Assim, o critério de 20 – ou mesmo apenas três – mutações permitidas num gene é arbitrário, sem qualquer base científica.

Segundo, são ignoradas as mutações aleatórias não intencionais em grande escala, a nível de todo o genoma, que ocorrem inevitavelmente durante todo o processo de NTG/edição genética (ver Figura 1)

Uma única mutação num só gene pode ter consequências importantes no funcionamento da rede de genes e proteínas, levando a alterações na bioquímica e na composição de uma planta, com consequências potencialmente catastróficas para a saúde ou o ambiente.

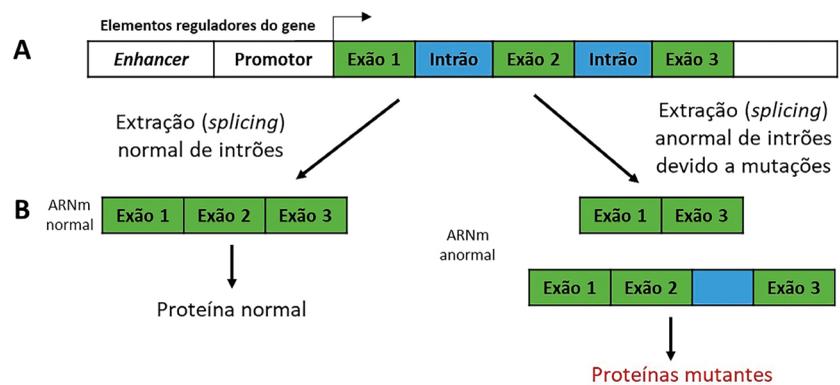
e que afetam a função de um grande número de genes.

Terceiro, as mutações nos elementos reguladores de um gene podem alterar drasticamente o seu nível de expressão, o que, mais uma vez, pode perturbar a função da rede de genes e proteínas, enquanto as mutações em

regiões intrónicas podem resultar na produção de ARNm e proteínas mutantes, com implicações desconhecidas para a saúde (Figura 2).

Figura 2 – As mutações nos elementos reguladores dos genes e nas regiões intrónicas podem alterar significativamente os níveis de expressão e os tipos de produtos proteicos e não devem ser ignoradas no estabelecimento dos critérios que definem uma planta NTG de Categoria 1.

A. Esquema dos principais componentes de um gene típico; posição dos elementos reguladores da expressão (promotor, *enhancer* – potenciador), regiões que codificam proteínas (exões, retângulos verdes) e regiões que não codificam proteínas (intrões, retângulos azuis). **B.** Esquema da extração normal (*splicing out*) de intrões para produzir ARNm e proteínas normais (o percurso do lado esquerdo) e *splicing* anormal de intrões devido a mutações nestas regiões para produzir ARNm anormal e proteínas mutantes (o percurso do lado direito). Uma alteração sugerida aos critérios que definirão uma planta NTG de Categoria 1 recomenda que qualquer número de mutações não intencionais nas regiões reguladoras ou nos intrões de um gene seja ignorado. No entanto, a alteração do nível de expressão de um gene e, por conseguinte, da quantidade do seu produto proteico, pode ter um enorme impacto nas redes de genes e proteínas onde funciona, resultando em grandes alterações na bioquímica e na composição da planta. As mutações das sequências de ADN do gene no interior dos intrões podem resultar num *splicing* anómalo dos elementos, dando origem a ARNm anormal e a proteínas mutantes potencialmente tóxicas. Assim, a recomendação de que as mutações não intencionais nos elementos reguladores ou nos intrões de um gene não devam ser consideradas é cientificamente incorreta, uma vez que ignora o risco de alterações na composição das plantas decorrentes de alterações na quantidade e qualidade da função dos genes.



²⁸ https://www.europarl.europa.eu/doceo/document/TA-9-2024-0067_PT.html Ver alteração 72

Em suma, os critérios originais e alterados que definem uma planta NTG de Categoria 1 não têm qualquer base científica e não são mais do que uma perigosa lotaria. O que importa é a qualidade e não a quantidade das mutações.

Qualquer enfraquecimento da regulamentação em matéria de NTG ignora os efeitos mutacionais do processo de edição genética e coloca em risco a saúde e o ambiente.

Esses riscos são reconhecidos por organismos especializados, como a agência francesa de segurança alimentar ANSES²⁹ e a Agência Federal Alemã para a Conservação da Natureza³⁰, bem como a Rede Europeia de Cientistas para a Responsabilidade Social e Ambiental.³¹

... o resultado da aplicação das NTG está longe de ser previsível, pelo que é necessária uma avaliação aprofundada da sua segurança antes da comercialização e os produtos devem ser devidamente rotulados para o consumidor.

Não foram publicados estudos que avaliem os riscos para a saúde e para o ambiente de um determinado alimento NTG, incluindo os que já estão a ser comercializados, como o tomate geneticamente modificado no Japão, que alegadamente ajuda a reduzir a tensão arterial. As alegações de que as plantas NTG são tão seguras como as plantas convencionais baseiam-se em suposições e não em evidência científica.

Em conclusão, o resultado da aplicação das NTG está longe de ser previsível, pelo que é necessária uma avaliação aprofundada da sua segurança antes da comercialização e os produtos devem ser devidamente rotulados para o consumidor.

²⁹ <https://www.anses.fr/fr/content/avis-2023-auto-0189>; <https://www.actu-environnement.com/media/pdf/news-43622-avis-anses-nouveaux-ogm.pdf>

³⁰ https://www.bfn.de/sites/default/files/2021-10/Viewpoint-plant-genetic-engineering_1.pdf

³¹ <https://ensser.org/publications/2023/statement-eu-commissions-proposal-on-new-gm-plants-no-science-no-safety/>

New genomic techniques: dubious claims on productivity, sustainability, and safety

MICHAEL ANTONIOU¹, CLAIRE ROBINSON²

¹ Professor of Molecular Genetics and Toxicology, King's College London, UK

² Co-director, GMWatch, UK

Genetic modification methods have been promoted as a way to address food production and farming problems since the mid-1990s, when “transgenic” genetically modified (GM) crops and foods (mostly soybeans and maize) were introduced on a wave of claims for their productivity and sustainability.¹ However, they failed to deliver on their promises. They did not increase yields² or reduce pesticide use – in fact, they increased it.³ And they did not make farming easier, as weeds became resistant to the herbicides (specifically glyphosate) that the GM crops were engineered to tolerate,⁴ and insect pests developed resistance to the insecticide Bt toxin that GM crops were engineered to produce.⁵

Now the new generation of GM crops, produced using so-called “new genomic techniques” (NGTs) such as gene editing, are touted to succeed where transgenics failed. Advocates claim that NGTs, particularly gene editing, make “precise” changes to the genome of an organism that mimic what can happen naturally through normal reproduction or natural mutation, enabling desirable traits to be reliably and safely engineered into plants. The outcomes, we are told, are predictable, so NGT plants will not harm health or the environment.

But have things really changed with the arrival of NGTs? If we look closely at the evidence, there is sound scientific reason to doubt the claims made for NGT products.

Productivity

NGTs are claimed to be able to generate crops with higher yields. However, this claim is based on faith and marketing speak, not science. Agronomic traits such as higher yields, resistance to diseases and pathogens, and tolerance to environmental stresses are genetically complex – that is, they have the functioning of many gene families at their basis. They could be called “omnigenic” in nature.⁶

This type of massive, complex, and balanced combinatorial gene function is far beyond what GM approaches such as NGTs can provide, which is the manipulation of one or few genes. Accordingly, there is no “GM gene” for higher yield. Only conventional breeding, in some cases aided by the non-GM biotechnology tool of genetic “marker assisted selection” (MAS), can bring about the large combinations of genes to robustly confer complex traits such as increased yield. (See below for examples of conventional breeding successes augmented by MAS).

Furthermore, any claim that we need to increase food crop yields to feed the hundreds of millions of people that go hungry every day and to provide for the world’s increasing population ignores three fundamental socioeconomic facts:

- i. As far back as 2011, advisors to the World Bank said enough food was being produced to feed 14 billion

¹ https://www.isaaa.org/resources/publications/downloads/biosafety_bk.pdf

² <https://www.ers.usda.gov/publications/pub-details/?pubid=45182>; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28230933>; http://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/14735903.2013.806408#_UrnHfYnuUc

³ <http://www.enveurope.com/content/24/1/24>

⁴ <http://www.enveurope.com/content/24/1/24>; <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ps.4760>; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29024306/>

⁵ <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36610076/>; <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0169115>; <https://www.dtnpf.com/agriculture/web/ag/crops/article/2020/09/29/epa-proposes-phasing-dozens-bt-corn>; <https://www.nature.com/articles/s41477-020-0615-5>

⁶ <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5536862/>; <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0002929721002718>

people⁷ – far more than even the 9.7 billion population predicted for 2050. Updated research in 2020 by Bloomberg Green concluded that in terms of the amount of food produced, “we could feed the population of two Earths without clearing a single new acre of land”.⁸ Producing enough food is not a problem.

- ii. Around 40% of food that is produced is wasted, either on the farm or at the retail or consumer stages.⁹
- iii. People are hungry not because insufficient food is produced, but because they are too poor to buy the food that is available in even the least affluent countries. The root cause of hunger is poverty.

If GM approaches such as NGTs won't solve the problem of hunger, what will? The IAASTD¹⁰ report, sponsored by the World Bank and UN and conducted by over 400 scientists, did not endorse GM to feed the hungry. It noted that yields of GM crops were “highly variable” and that the patents on these crops could undermine food security – which was better served by agroecology.¹¹

Finally, genetic engineering does not have a monopoly on innovation and progress. Agroecology already has solutions to many food and farming problems, and the field will continue to grow in knowledge and effectiveness. That growth would be expedited if the resources and funding that are currently devoted to hypothetical GM “solutions” were diverted to agroecological research and expansion.

Sustainability

We are promised NGT crops that are resistant to pests and diseases and better able to tolerate environmental stresses such as heat and drought. Thus, the narrative runs, NGT GM crops will help to address the challenges of climate change and make farming more sustainable, notably by reducing pesticide use (herbicides, insecticides, fungicides) – a key aim of the Green Deal and Farm to Fork Strategy.

Will new NGT crops be any better than first-generation GM crops at reducing pesticide use? The evidence so far suggests not. Research by the Joint Research Centre (JRC) of the European Commission (EC) found that of the NGT crops that are close to commercialisation, the largest trait group (six out of 16 plants) was herbicide-tolerant.¹² These GM plants will continue the trend of older-style GM herbicide-tolerant crops, which have increased herbicide use.¹³

A report by the civil society organisation Foodwatch found that the main way to reduce pesticide use is already available, in the form of crop rotation and diversity. Even if disease-resistant NGT varieties were produced, development and testing would take years. In addition, converting crops such as grapes to new NGT varieties will be expensive and futile, given the short expected lifespan of genetically engineered disease resistance (which can only involve one or a few genes) in the face of rapidly mutating pathogens.

Furthermore, almost 80% of EU pesticide use comprises herbicides and fungicides, and no NGT solutions are available or in the pipeline that could substantially reduce these uses. The report concludes, “Genetically modified crops suitable to achieve the ‘Farm to Fork’ objectives are not available. It seems they won't be available within the next 10-15 years” – so that the potential of NGTs to reduce pesticide use “seems to be currently nearly zero”.¹⁴

These conclusions are backed by an analysis that linked EU sustainable development goals with relevant plant traits and reviewed existing research with NGT crop plants for evidence that their intended traits could fulfil the goals. The researchers focused on drought tolerance and resistance to fungal disease traits. They found that no NGT plants with drought tolerance are available on the market. Regarding disease resistance, no NGT plants able to withstand more than one stressor or different environments – vital for resilience in the field – are close to commercialisation.

The researchers concluded that developing new GM plants will not be enough to achieve EU sustainability goals and

⁷ <https://tinyurl.com/mpae4my8>

⁸ <https://archive.ph/rtVDg#selection-3029.260-3029.345>

⁹ <https://www.worldwildlife.org/publications/driven-to-waste-the-global-impact-of-food-loss-and-waste-on-farms>

¹⁰ IAASTD – International Assessment of Agricultural Knowledge, Science and Technology for Development

¹¹ <https://tinyurl.com/y5bxkld3>

¹² <https://publications.jrc.ec.europa.eu/repository/handle/JRC123830>. Graphic presentation of the data: https://datam.jrc.ec.europa.eu/datam/mashup/NEW_GENOMIC_TECHNIQUES/

¹³ <http://www.enveurope.com/content/24/1/24>

<https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.1600850>

¹⁴ https://www.foodwatch.org/fileadmin/-INT/pesticides/2023-01-30_foodwatch_Pesticides_and_NGTSS.pdf

that development of a variety of agricultural measures will need “comparable attention and research efforts” to those currently applied to NGT plants.¹⁵

In contrast, conventional breeding has succeeded in developing crops with desirable traits such as drought tolerance and disease resistance.

For example, the Drought Tolerant Maize for Africa project has developed 153 new varieties to improve yields in 13 countries. In field trials, these varieties match or exceed the yields from commercial seeds under good rainfall conditions, and yield up to 30% more under drought conditions.¹⁶ New cowpea varieties with high tolerance to heat and drought have been developed.¹⁷ And Syngenta has developed virus-resistant tomatoes using conventional breeding, sped up by MAS. Syngenta stated: “In the past, it might take up to 10 years to research and develop a virus-resistant variety. However, Syngenta researchers were able to condense the process to less than three years, the result of identifying sources of resistance to the virus within the company’s existing seed lines.”¹⁸

Moreover, when it comes to sustainability and resilience in the face of climate change, genetics are only part of the solution. It is not enough to focus on isolated traits – it is farming systems that give sustainability and resilience. The Rodale Institute’s 40-year Farming Systems Trial shows that organic systems can not only match conventional yields of major crops like maize and soybean, but give 30% higher yields during droughts, due to the superior organic matter content of the soil.¹⁹

Safety

The main ethical concerns raised by NGT use in agriculture are the risks to health, the environment, and farming due to the inherent problems and limitations of these technologies. These issues cannot be avoided, whatever benefits are claimed for NGTs, and they will inevitably lead to socio-economic challenges for farmers and issues with trust in the food chain.

NGTs are unquestionably genetic modification technologies – artificial laboratory methods for altering the genetic makeup of a crop or animal. Just like older-style transgenic GM techniques, NGTs bear no resemblance to natural breeding (Figure 1). The claim of precision for NGTs is based on the fact that developers try to make a targeted alteration to an existing gene or targeted insertion of a foreign transgene at a predetermined region in the genome.

However, what advocates fail to admit is that NGT processes, including CRISPR-mediated gene editing, when considered as a whole (plant tissue culture, plant cell genetic transformation, action of the gene editing tool) are prone to large-scale, genome-wide unintended DNA damage (mutations). These unintended mutations include large deletions, insertions and rearrangements of DNA, affecting the function of many genes. GM transgenic and gene editing processes as a whole produce hundreds or thousands of unintended, random DNA mutations, far more in number than genetic variation that results from natural reproduction or random mutagenesis.²⁰

A study on rice showed that the CRISPR/Cas gene editing process (plant tissue culture, plant cell genetic transformation) produced several times more sites of DNA mutation than multiple rounds of natural reproduction.²¹

However, it’s not just a matter of how many unintended mutations arise, but also where they occur and what they do. Genetic variation that results from natural reproduction is not random – crucial areas of the genome are protected against genetic change. In contrast, gene editing can produce mutations that would be difficult or impossible to produce by conventional breeding or random mutagenesis breeding.²² Changes that do take place in conventional breeding occur in a directed evolutionary manner, as the plant’s adaptation response to its environment.²³ As farmers who save and plant their own seed know, crop performance improves over the years as the plant’s genetics adapt to the farm’s conditions.

¹⁵ <https://www.mdpi.com/2223-7747/11/2/212/htm>

¹⁶ <https://www.nature.com/articles/513292a>

¹⁷ <https://agrifliffetoday.tamu.edu/2013/04/10/new-cowpea-varieties-offer-promise-in-south-africa-other-parts-of-the-world/>

¹⁸ <http://web.archive.org/web/20210428103042/>;

<https://www.syngentagroup.com/en/our-stories/syngenta-expands-arsenal-in-the-global-battle-against-a-tomato-virus>

¹⁹ <https://rodaleinstitute.org/science/farming-systems-trial/>

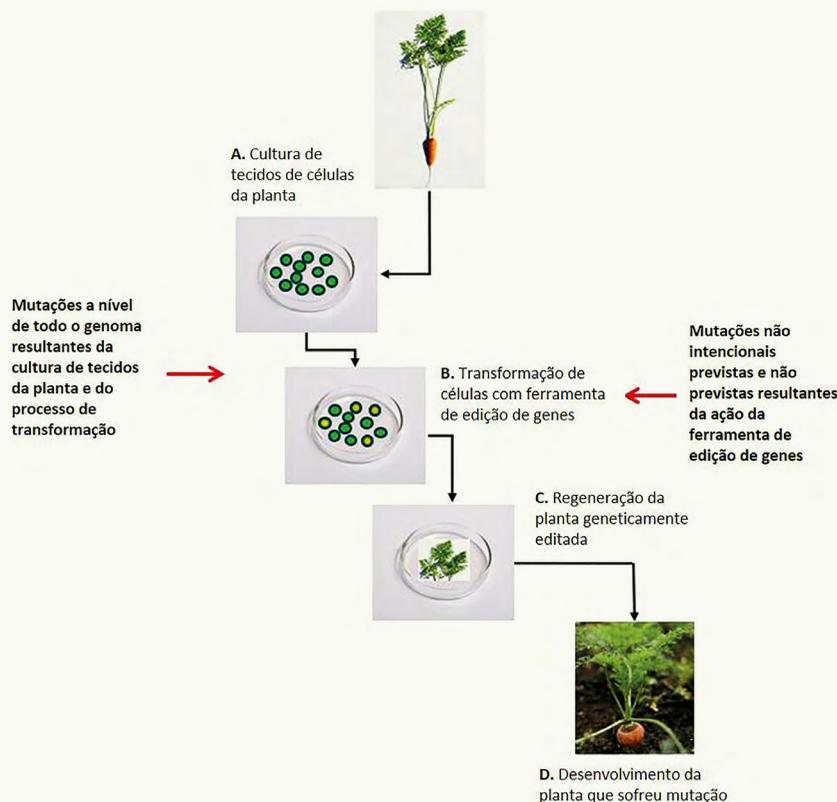
²⁰ <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22530509/>; <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fbioe.2023.1276226/full>

²¹ <https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-018-1458-5>; See Figure 2, panels A and B.

²² <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2019.00525/full>; <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fbioe.2023.1276226/full>

²³ <https://www.nature.com/articles/s41586-021-04269-6>

Figure 1 – NGTs such as gene editing are artificial laboratory-based genetic modification procedures that are highly prone to multiple types and large numbers of unpredictable, unintended mutations. Illustration of the various steps required to produce a gene edited plant. **A.** Isolate cells from plant (e.g. carrot) to be edited and grow in laboratory tissue culture. **B.** Introduce gene editing tool into plant cells (cell transformation); only some of the cells (marked yellow) will be edited. **C.** Change cell culture conditions to regenerate the (carrot) plants. **D.** Pick out edited plants from tissue culture dish and grow out in soil as usual. The plant cell tissue culture and cell transformation steps are known to produce hundreds or thousands of sites of unintended DNA damage over and above any undesirable mutations from the action of the gene editing tool. Pictures of carrot plants are by Michael C and Viktoriia Filipchenko on unsplash.com.



All genes work as part of a network or ecosystem.²⁵ So changing just one gene can have major impacts on the biochemistry of an organism. In the case of NGTs and older-style transgenic GM, many gene functions will be altered. This will lead to changes in patterns of gene function and altered biochemistry and composition, which could include the production of novel toxins and allergens. Such unintended alterations could pose threats to health, the environment, and farmers' productivity.

Risks and science ignored in proposed deregulation

The EC's proposal to weaken the regulations around NGTs²⁶ is making its way through the Council and Parliament. In the proposal, the EC listed the criteria that would qualify a plant as "Category 1 NGT" and thus be exempt from risk assessment for health and the environment, as well as traceability and consumer labelling requirements. Annex I stated that any NGT plant that had up to 20 sites of genetic modification at locations predicted by computing (bioinformatic) tools, including essentially any type of genetic mutation (small/large deletions, insertions and rearrangements of DNA), would qualify as Category 1.

Another crucial distinction between the changes induced by NGTs and natural processes is the vast increase in scale. As an analysis of regulatory policy on NGTs stated: "the use of new genome editing and gene silencing techniques potentially makes biological changes at large geographical/spatial scales and across multiple species" – a type of intervention that is without precedent in nature and that brings an attendant increase in risk.²⁴

More recently, the European Parliament voted through amendments to the Category 1 criteria. One amendment stipulates that up to three alterations in the protein coding part of any gene – and any number of mutations in regions of the gene that do not code for the protein (regulatory elements and introns that separate the protein coding regions) – should be permitted.²⁷

²⁴ <https://doi.org/10.1525/elementa.2021.00086>

²⁵ <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27485388/>; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34800849/>

²⁶ <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/HTML/?uri=CELEX:52023PC0411>

²⁷ https://www.europarl.europa.eu/doceo/document/TA-9-2024-0067_EN.html; See Amendment 72.

However, neither the original nor the amended proposal has any scientific foundation.

First, no scientific justification is provided for the number of mutations that are presumed safe. A single mutation in just one gene can have major consequences on gene and protein network functioning, leading to changes in a plant's biochemistry and composition, with potentially catastrophic consequences to health or the environment. So the criterion of 20 – or even just three – permitted mutations in a gene is arbitrary, with no basis in science.

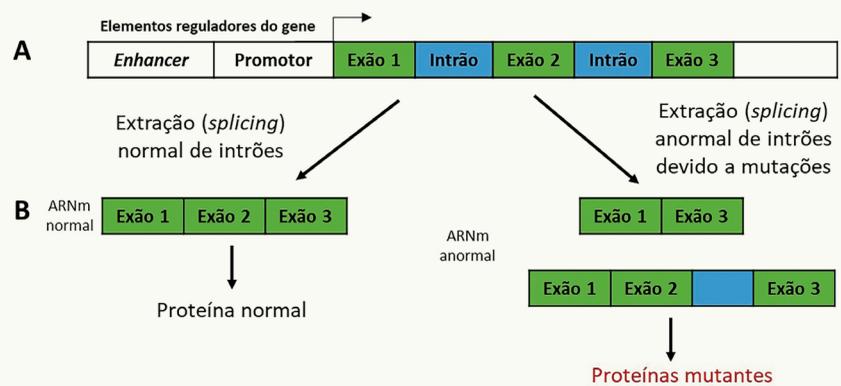
Second, the unintended large-scale, genome-wide random mutations that inevitably occur during the NGT/gene editing process as a whole (see Figure 1), which affect the function of large numbers of genes, are ignored.

Third, mutations in a gene's regulatory elements can dramatically alter its level of expression, which again can disrupt gene and protein network function, whereas mutations in intronic regions can result in the production of mutant mRNA and proteins, with unknown health implications (Figure 2).

In sum, the original and amended criteria that define a Category 1 NGT plant have no scientific basis and only constitute a dangerous numbers game. It is the quality and not the quantity of mutations that matters. Any weakening of the regulation around NGTs ignores the mutational effects of the gene editing process and puts health and environment at risk.

Such risks are recognised by expert bodies such as the French food safety agency ANSES²⁸ and the German Federal Agency

Figure 2 – Mutations in gene regulatory elements and intron regions can markedly alter levels expression and types of protein products and must not be ignored in setting criteria that define a Category 1 NGT plant. **A.** Illustration showing key components of a typical gene; position of expression regulatory elements (promoter, enhancer), protein coding regions (exons, green rectangles) and non-protein coding regions (introns, blue rectangles). **B.** Illustration of the normal removal (splicing out) of introns to produce normal mRNA and protein (left hand pathway) and abnormal splicing out of introns due to mutations within these regions to produce abnormal mRNAs and mutant proteins (right hand pathway). A suggested amendment to the criteria that will define a Category 1 NGT plant recommends that any number of unintended mutations in a gene's regulatory regions or introns be disregarded. However, altering the level of expression of a gene and thus the amount of its protein product can have a dramatic impact on the gene and protein networks within which it functions resulting in major changes in plant biochemistry and composition. Mutations of the gene DNA sequences within introns can result in aberrant splicing out of the elements giving rise to abnormal mRNA and mutant potentially toxic proteins. Thus, the recommendation that unintended mutations in a gene's regulatory elements or introns should be discounted from consideration is scientifically inaccurate as it ignores the risk from plant compositional changes arising from alterations in the quantity and quality of gene function.



for Nature Conservation,²⁹ as well as the European Network of Scientists for Social and Environmental Responsibility.³⁰

There have been no published studies assessing the health and environmental risks of any given NGT food, including those already marketed, such as the gene-edited tomatoes in Japan that are claimed to help lower blood pressure. Claims that NGT plants are as safe as conventionally bred plants are based on assumptions, not scientific evidence.

In conclusion, the outcome from the application of NGTs is far from predictable, so an in-depth safety evaluation is required before marketing and the products must be labelled for the consumer.

²⁸ <https://www.anses.fr/fr/content/avis-2023-auto-0189>;

<https://www.actu-environnement.com/media/pdf/news-43622-avis-anses-nouveaux-ogm.pdf>

²⁹ https://www.bfn.de/sites/default/files/2021-10/Viewpoint-plant-genetic-engineering_1.pdf

³⁰ <https://ensser.org/publications/2023/statement-eu-commissions-proposal-on-new-gm-plants-no-science-no-safety/>

Velhos problemas, novas soluções: o potencial das Novas Técnicas Genómicas para a agricultura

JORGE M. CANHOTO

Professor na Universidade de Coimbra e Presidente do Centro de Informação de Biotecnologia

...Assim, a distinção entre “natural” e “não natural” foi obscurecida. Toranjas vermelhas criadas por radiação de neutrões, melancias sem sementes produzidas com o composto químico colquicina, pomares de macieiras em que cada árvore é um clone genético perfeito das suas vizinhas – nenhum desses aspetos da agricultura moderna é natural. No entanto, a maioria de nós come esses alimentos sem protestar.

Jennifer A. Doudna

(Prémio Nobel da Química em 2020, juntamente com Emmanuelle Charpentier, devido os seus trabalhos relacionados com a edição genética)

O melhoramento de plantas é um testemunho do engenho da humanidade, materializando a nossa busca para aproveitar a abundância da natureza em termos de sustento e prosperidade. Ao longo de milénios, a prática evoluiu da simples seleção de características desejáveis em ancestrais selvagens para manipulações genéticas sofisticadas através de modernas ferramentas biotecnológicas. Hoje, os melhoradores de plantas empregam uma combinação de métodos tradicionais de melhoramento e tecnologias de ponta para desenvolver variedades com melhor desempenho agrónomico, qualidade nutricional e sustentabilidade. Este artigo resume a longa jornada do melhoramento de plantas, elucidando os métodos empregados desde a domesticação até às modernas técnicas de edição de genes.

A manipulação genética de plantas e as conseqüentes modificações nas variedades que hoje conhecemos tem origem na domesticação de plantas, um momento crucial na história da humanidade ...

No princípio era a domesticação

A manipulação genética de plantas e as conseqüentes modificações nas variedades que hoje conhecemos tem origem na domesticação de plantas, um momento crucial na história da humanidade marcado pela transição de estilos de vida nómadas de caçadores-coletores para sociedades agrícolas estabelecidas, que ficou conhecido como Revolução Neolítica, há cerca de 10 000 a 12 000 anos, na Mesopotâmia, localizada nos vales férteis entre os rios Tigre e Eufrates. À medida que os primeiros humanos começaram a cultivar, transformaram os progenitores selvagens em variedades domesticadas favorecendo plantas com características desejáveis, tais como maior rendimento, ausência de dispersão das sementes, palatabilidade e adaptabilidade a diversos

solos e condições climáticas. Este processo originou, em diferentes regiões do mundo, a miríade de espécies agrícolas que constituem a base da agricultura moderna. Desde o primitivo teosinto transformado em milho na Mesoamérica até à modificação do trigo selvagem no grão básico das civilizações no Crescente Fértil, a domesticação das plantas lançou as bases para os avanços subsequentes nas técnicas de melhoramento. Processos semelhantes desenvolveram-se de forma independente noutras regiões do globo, como o Vale do Nilo no Egito, o Vale do Indo no Sul da Ásia, o Vale do Rio Amarelo na China e a Mesoamérica. Em cada uma destas regiões, as primeiras sociedades humanas cultivaram e adaptaram seletivamente espécies de plantas selvagens para satisfazer as suas necessidades, levando à domesticação de culturas como arroz, milho, milho-miúdo, batata e abóbora.

As consequências da domesticação das plantas para a humanidade foram profundas, moldando o curso da história e lançando as bases para a civilização moderna. A agricultura proporcionou uma fonte alimentar estável e confiável, levando ao estabelecimento de populações e ao desenvolvimento de sociedades complexas. Uma produção de alimentos mais previsível e controlada permitiu o crescimento populacional além do que era sustentável apenas através da caça e recolha de frutos, sementes, raízes e tubérculos. Esta mudança demográfica levou ao surgimento das primeiras cidades, das redes comerciais e da mão de obra especializada. Com a domesticação surgiu uma maior diversidade de culturas com perfis nutricionais diversos, contribuindo para uma alimentação mais variada e equilibrada das populações humanas. Esta diversificação de fontes alimentares ajudou a mitigar o risco de escassez de alimentos

As consequências da domesticação das plantas ... foram profundas, moldando o curso da história e lançando as bases para a civilização moderna.

Embora o melhoramento seja um processo com uma longa história, a modificação das plantas com base científica iniciou-se apenas com a descoberta das leis da Genética, por Mendel, na década de 60 do século XIX, e a sua redescoberta, em 1900.

O melhoramento seletivo para características como resistência a doenças, potencial de rendimento e qualidade nutricional revolucionou a agricultura...

e de desnutrição, e contribuiu para o aumento da esperança de vida e o desenvolvimento de sociedades complexas em que os indivíduos passaram a desempenhar funções sociais distintas. As práticas agrícolas estimularam ainda a inovação tecnológica, incluindo o desenvolvimento de sistemas de irrigação, arados e locais de armazenamento.

Cruzar, selecionar, cruzar, selecionar

Embora o melhoramento seja um processo com uma longa história, a modificação das plantas com base científica iniciou-se apenas com a descoberta das leis da Genética, por Mendel, na década de 60 do século XIX, e a sua redescoberta, em 1900. Outros autores, como Darwin, através dos seus estudos sobre a seleção artificial, foram também determinantes e lançaram as bases do chamado melhoramento convencional, baseado em cruzamentos e seleção.

Este método envolve cruzamentos controlados entre plantas com características complementares seguidos de seleção rigorosa dos descendentes que apresentam as particularidades desejadas. A hibridização facilitou a introdução de variabilidade genética através do cruzamento de indivíduos ou cultivares geneticamente distintos. O melhoramento seletivo para características como resistência a doenças, potencial de rendimento e qualidade nutricional revolucionou a agricultura durante a Revolução Verde de meados do século XX, dando início a aumentos sem precedentes na produtividade das culturas. A obtenção do triticale, um híbrido artificial entre o trigo e o centeio é um bom exemplo de como, através destes métodos, se podem obter plantas com novas particularidades.

Utilizando cruzamentos e seleção, é também possível transferir genes individuais, um processo chamado introgressão que permite a transferência de material genético de uma espécie ou população para o *pool* genético de outra população ou espécie através de retrocruzamentos. A introgressão é frequentemente utilizada para incorporar características desejáveis de parentes selvagens ou exóticos em variedades de culturas de elite, levando ao desenvolvimento de cultivares melhoradas com melhor desempenho agronómico, resiliência e diversidade genética. Através da introgressão é possível, por exemplo, transferir a capacidade de resistência a um fungo de uma planta em que essa característica se manifesta para outra que se pretende melhorar e que é sensível ao mesmo fungo.

Embora o melhoramento clássico de plantas não envolva a manipulação direta dos genomas das plantas a nível molecular, ele resulta em mudanças genéticas nas populações de plantas ao longo do tempo. Essas mudanças ocorrem através dos processos naturais de recombinação genética, mutação e seleção, que levam à acumulação de alelos favoráveis e ao desenvolvimento de novas combinações genéticas.

Como qualquer tecnologia, o melhoramento clássico evoluiu muito, podendo ser feito atualmente com o auxílio de marcadores moleculares que se associam a determinadas características mensuráveis, chamadas *quantitative trait locus* (QTL). Utilizando estes marcadores, a seleção (designada por MAS – *marker-assisted selection*) pode ser feita não ao nível do fenótipo (características visíveis), mas através de análise genética, encurtando assim os ciclos de melhoramento.

A sorte não é tão aleatória como parece

Em meados do século passado, a mutagénese surgiu como uma ferramenta para induzir variação genética

Embora o melhoramento clássico de plantas não envolva a manipulação direta dos genomas das plantas a nível molecular, ele resulta em mudanças genéticas nas populações de plantas ao longo do tempo.

para fins de melhoramento. Agentes mutagénicos como radiação ou compostos químicos foram usados para induzir alterações aleatórias nos genomas das plantas, aumentando a variabilidade para fins de seleção. A mutagénese permitiu que os melhoradores superassem as limitações da variação natural e introduzisse em germoplasmas de elite novas características inacessíveis através de métodos de melhoramento convencionais, como maior rendimento, resistência a doenças e tolerância a stresses abióticos como seca ou salinidade. Ao contrário dos métodos tradicionais de melhoramento, que dependem do processo lento de seleção natural e cruzamentos controlados, a indução de mutações permite que se obtenham rapidamente diversas populações de plantas com fenótipos alterados, sendo particularmente importante em culturas com bases genéticas reduzidas ou variabilidade limitada.

Mutantes obtidos por mutagénese podem exibir fenótipos alterados, como tempo de floração, tamanho do fruto, cor, sabor ou conteúdo nutricional. Variedades de cereais com menor propensão para a acama ou insensíveis à vernalização são dois bons exemplos de variedades obtidas por mutagénese.

Mutantes com maior tolerância a stresses bióticos e abióticos, tais como pragas, doenças, calor, frio ou salinidade do solo, podem ser selecionados e incorporados

em programas de melhoramento para desenvolver variedades de culturas resilientes e adequadas a diversos ambientes agroecológicos. A mutagénese pode ser empregada para melhorar a qualidade das culturas, incluindo qualidade nutricional, prazo de validade, características de processamento e perfis de sabor. Mutantes com conteúdo nutricional melhorado, fatores antinutricionais reduzidos ou características pós-colheita melhoradas podem contribuir para o desenvolvimento de variedades de culturas mais saudáveis e simultaneamente mais interessantes para os produtores e consumidores.

Em meados do século passado, a mutagénese surgiu como uma ferramenta para induzir variação genética para fins de melhoramento.

Embora eficaz, a mutagênese carecia de precisão e muitas vezes originava mutações indesejadas juntamente com as características interessantes. A chamada mutagênese de inserção, em que um fragmento de DNA é introduzido no genoma de uma planta, veio permitir atenuar esta aleatoriedade, possibilitando não apenas modificações mais precisas do genoma, mas também uma mais eficaz identificação e caracterização dos genes alterados. A mutagênese tem contribuído para o desenvolvimento de numerosas variedades de culturas com características agronômicas melhoradas, incluindo resistência a doenças, tolerância ao stresse abiótico e maior conteúdo nutricional, em particular em cereais, como o trigo, o milho e o arroz.

O DNA é de todos

Sabemos hoje que o DNA é a molécula que controla as características dos organismos. Todos o possuem e a maneira como esta molécula controla a síntese proteica, embora com algumas variações, é comum a todos as células. Com base nesta evidência, é possível que um gene de uma bactéria ou de outro organismo se expresse, por exemplo, numa planta. Esta metodologia é a base da tecnologia do DNA recombinante, também conhecida como engenharia genética. Variedades que hoje são utilizadas na agricultura, como o milho *Bt*, resistente à broca-do-milho devido a um gene bacteriano que lhe foi introduzido, baseiam-se neste princípio. As plantas e outros organismos modificados desta maneira ficaram vulgarmente conhecidos como organismos geneticamente modificados (OGM), ou plantas geneticamente modificadas (PGM), no caso do reino vegetal. Esta metodologia precisa de manipulação dos genes permitiu aos cientistas melhorarem as características desejadas, ao mesmo tempo que minimizava alterações genéticas não intencionais. As PGM revolucionaram a agricultura ao oferecer soluções para a gestão de

Embora eficaz, a mutagênese carecia de precisão e muitas vezes originava mutações indesejadas juntamente com as características interessantes.

... a metodologia ... do DNA recombinante ... permitiu aos cientistas melhorarem as características desejadas, ao mesmo tempo que minimizava alterações genéticas não intencionais.

pragas e ervas daninhas, reduzindo a utilização de produtos químicos e aumentando o rendimento das colheitas.

A primeira cultura geneticamente modificada disponível comercialmente foi o tomate *Flavr Savr*, desenvolvido pela empresa Calgene e aprovado para venda nos Estados Unidos em 1994. O tomate *Flavr Savr* foi geneticamente modificado para retardar o amadurecimento e prolongar a vida útil, oferecendo benefícios potenciais para produtores e consumidores. Desde então, a tecnologia OGM tem sido amplamente adotada na agricultura para diversos fins e foram desenvolvidas PGM com características como tolerância a herbicidas, resistência a insetos, resistência a doenças, tolerância à seca e melhor conteúdo nutricional. Estas características permitem aumentar a produtividade das culturas, reduzir a necessidade de fertilizantes e compostos fitofarmacêuticos e melhorar a segurança alimentar.

Do ponto de vista ambiental, as PGM concebidas para características como tolerância a herbicidas e resistência a insetos podem ajudar a reduzir o impacto ambiental da agricultura, permitindo que os agricultores utilizem menos pesticidas e herbicidas. Isto pode levar à diminuição do escoamento de pesticidas, da erosão do solo e da perda de biodiversidade. As PGM com características como maior potencial de rendimento ou melhor tolerância ao stresse podem ajudar os agricultores a produzir mais alimentos numa área menor, contribuindo para aumentar a eficiência e a produtividade agrícolas. Isto é particularmente importante face aos desafios globais, como o crescimento populacional, as alterações climáticas e as restrições de recursos.

Algumas PGM têm o potencial de melhorar a segurança alimentar e nutricional, aumentando o rendimento das culturas, reduzindo as perdas pós-co-

lheita e melhorando o conteúdo nutricional das culturas alimentares. Por exemplo, foram desenvolvidas PGM com características como aumento do teor de vitaminas e minerais, melhoria da qualidade das proteínas e níveis reduzidos de fatores antinutricionais. Um exemplo é o arroz dourado, enriquecido em beta caroteno (provitamina A) e que pode atenuar a deficiência crônica desta vitamina em países onde o consumo de arroz é a base da alimentação.

Em alguns países, e em particular na União Europeia, a adoção de PGM gerou controvérsias sobre preocupações ambientais e de saúde, levando à criação de uma legislação draconiana que praticamente impediu a inovação e levou muitas empresas a desviarem os seus investimentos para outros países. No entanto, estes receios, fortemente alimentados pela pressão de grupos ecologistas, mostraram ser infundados e as PGM são hoje uma realidade em inúmeros países, incluindo muitos em vias de desenvolvimento, como o Bangladesh.

A magia das pequenas mudanças

A última fronteira no melhoramento de plantas é a edição genética, que permite modificações precisas e direcionadas do genoma da planta sem a introdução de genes de outros organismos. Esta tecnologia oferece oportunidades sem precedentes para enfrentar os desafios que se colocam à agricultura, incluindo a alimentação de uma população global em constante crescimento, a mitigação dos impactos das alterações climáticas e a garantia de uma produção alimentar sustentável. Técnicas como a CRISPR-Cas9 permitem aos cientistas editar genes específicos com precisão, eficiência e uma versatilidade sem precedentes. A edição genética é uma enorme promessa para o melhoramento das culturas, permitindo modificar características como o rendimento, a qualidade nutricional e a resiliência a stresses bióticos e abióticos.

A última fronteira no melhoramento de plantas é a edição genética, que permite modificações precisas e direcionadas do genoma da planta sem a introdução de genes de outros organismos.

Do ponto de vista conceptual, a edição genética de plantas utilizando o sistema CRISPR-Cas é bastante simples. Baseia-se na construção de uma molécula de RNA que identifica uma região alvo no DNA da planta que se pretende modificar e de uma enzima que corta esse DNA no local marcado. Em resposta, o genoma da planta desencadeia mecanismos de reparação do DNA, os quais não são, todavia, isentos de erros. Quando um desses erros ocorre, surge uma mutação, ou seja uma alteração do DNA da planta mãe. Para além disso, a tecnologia permite inativar genes ou inserir genes de plantas semelhantes (cisgénese) ou da mesma planta (intragénese)

O sistema CRISPR-Cas9, descoberto em bactérias, foi adaptado para plantas em 2013, abrindo novas possibilidades para modificações genéticas precisas e direcionadas. Os cientistas rapidamente adotaram o CRISPR-Cas9 para uma ampla gama de aplicações em biologia vegetal, incluindo o silenciamento de genes e a inserção de genes e a edição de bases do DNA. Uma das primeiras demonstrações de edição genética mediada por CRISPR-Cas9 em plantas foi conseguida em 2013 por investigadores da Universidade de Minnesota e da Universidade Estadual da Pensilvânia, que usaram com sucesso CRISPR-Cas9 para induzir mutações direcionadas no genoma de *Arabidopsis thaliana*, uma espécie de planta modelo amplamente utilizada em investigação científica. Desde então, numerosos grupos de investigação em todo o mundo têm contribuído para o avanço da aplicação de técnicas de edição genética em plantas, explorando o seu potencial para o melhoramento de culturas, genómica funcional e investigação básica em biologia de plantas. Hoje, as tecnologias de edição genética, incluindo CRISPR-Cas9, CRISPR-Cas12 e edição de bases, são usadas rotineiramente em laboratórios de todo mundo, impulsionando a inovação e a descoberta na área da biotecnologia agrícola.

Técnicas como a CRISPR-Cas9 permitem aos cientistas editar genes específicos com precisão, eficiência e uma versatilidade sem precedentes.

Ao contrário das PGM, a edição genética permite a modificação precisa de genes da própria planta sem a introdução de DNA estranho. Esta distinção não só atenua as preocupações em torno das alterações genéticas não intencionais, mas também contorna alguns obstáculos regulamentares associados aos OGM. A edição genética é uma promessa imensa para o melhoramento das culturas, permitindo aos criadores melhorar características como o rendimento, a qualidade nutricional e a resiliência a stresses bióticos e abióticos com uma precisão incomparável. Exemplos de plantas obtidas por edição genética são um trigo com reduzido teor de glúten, potencialmente mais seguro para indivíduos com doença celíaca ou sensibilidade ao glúten. A edição genética tem sido também utilizada para aumentar a tolerância à seca em diversas espécies de culturas, incluindo arroz, milho e soja com o objetivo de desenvolver culturas capazes de suportarem condições de escassez de água, mitigando assim os impactos da seca na produtividade agrícola. A qualidade nutricional das culturas tem também sido modificada por edição genética. Por exemplo, foram obtidas plantas de arroz com uma maior biodisponibilidade de nutrientes essenciais, como ferro, zinco e vitaminas, colmatando as deficiências de micronutrientes prevalentes em regiões onde o arroz é um alimento básico. A resistência a doenças e a redução do impacto ambiental das atividades agrícolas são outros aspetos em que a edição genética é muito promissora.

... a edição genética permite a modificação precisa de genes da própria planta sem a introdução de DNA estranho.

Convém referir que a edição genética pode ser obtida por vários processos e que é uma tecnologia em constante evolução, havendo atualmente sistemas de edição muito mais eficazes que a CRISPR-Cas9...

A legislação relativa à cultura de plantas geneticamente editadas varia consoante o país e depende do tipo de alteração provocada no DNA da planta modificada. Ao contrário das PGM, as plantas editadas geneticamente muitas vezes não se encaixam nos mesmos quadros regulamentares, uma vez que não envolvem a introdução de DNA estranho. Esta distinção alimentou o otimismo para o rápido

desenvolvimento e comercialização de variedades de culturas geneticamente editadas e adaptadas para enfrentar desafios agrícolas prementes.

Nos Estados Unidos, o controlo da cultura e comercialização de plantas geneticamente editadas e dos seus produtos está sob a jurisdição de três agências governamentais: o Departamento de Agricultura dos EUA (USDA), a Agência de Proteção Ambiental (EPA) e a Food and Drug Administration (FDA). Na União Europeia, encontra-se em fase final de discussão, e aprovação, espera-se, uma proposta legislativa que divide as plantas geneticamente editadas

em duas categorias. As de Categoria I são aquelas em que as modificações são reduzidas e que se podem assemelhar às alterações que poderiam ser obtidas por métodos clássicos de melhoramento. Na Categoria II serão incluídas plantas com modificações mais profundas e a legislação será mais semelhante à que atualmente se aplica às PGM. Alguns países, como a Argentina e o Brasil, adotaram abordagens mais flexíveis para a regulamentação de culturas geneticamente editadas.

Convém referir que a edição genética pode ser obtida por vários processos e que é uma tecnologia em constante evolução, havendo atualmente sistemas de edição muito mais eficazes que a CRISPR-Cas9, esperando-se que no futuro a edição possa ser

utilizada de forma ainda mais precisa e eficaz, não apenas na agricultura, mas também em áreas como a medicina e a biotecnologia industrial.

Em jeito de conclusão, pode dizer-se que as novas tecnologias genômicas estão a revolucionar o melhoramento de plantas, melhorando a precisão, acelerando o desenvolvimento de características, expandindo a diversidade genética, permitindo a tomada de decisões baseada num grande número de dados e facilitando o desenvolvimento de soluções

agrícolas personalizadas. Os investigadores podem assim desenvolver variedades de culturas que satisfaçam as necessidades crescentes da agricultura, promovam a sustentabilidade e garantam a segurança alimentar para as gerações futuras.

O melhoramento de plantas evoluiu da seleção rudimentar de plantas selvagens para manipulações genéticas sofisticadas através de mutagénese, OGM e edição de genes. Cada fase desta jornada evolutiva contribuiu para o desenvolvimento de variedades de culturas com melhores características agronómicas, resiliência e produtividade. À medida que enfrentamos os desafios de alimentar uma população global crescente (mais de 8 000 000 000 de habitantes, atualmente) num contexto de alterações climáticas e de restrições de recursos, a inovação e integração contínuas destas técnicas de melhoramento serão essenciais para garantir a segurança alimentar e a agricultura sustentável no século XXI. Os princípios de melhoramento de plantas estabelecidos pelos primeiros agricultores continuam a sustentar as práticas modernas de melhoramento de plantas, embora com a aplicação de técnicas sofisticadas, no âmbito da biologia molecular, genómica e biotecnologia.

O melhoramento de plantas evoluiu da seleção rudimentar de plantas selvagens para manipulações genéticas sofisticadas através de mutagénese, OGM e edição de genes. Cada fase desta jornada evolutiva contribuiu para o desenvolvimento de variedades de culturas com melhores características agronómicas, resiliência e produtividade.

Bibliografia

- Altman A & Hasegawa PM 2012. Plant biotechnology and agriculture – prospects for the 21st century. Elsevier & Academic Press, Amsterdam.
- Chrispeels MJ & Gepts P 2017. Plants, Genes & Agriculture – sustainability through biotechnology. Sinauer Associates, Sunderland/Oxford University Press USA, NC.
- Filho JH, da Silva VC, dos Santos JC *et al.* 2020. Introdução à edição genómica em plantas: desafios da agricultura moderna para o presente e o futuro. In: Molinari HBC (Eds), Tecnologia CRISPR na edição genómica de plantas: biotecnologia aplicada à agricultura. Embrapa, Brasília, cap. 1, pp:11-48.
- Hwarari D, Radani Y, Ke Y. *et al.* 2024. CRISPR/Cas genome editing in plants: mechanisms, applications, and overcoming bottlenecks. *Funct Integr Genomics* 24:50. <https://doi.org/10.1007/s10142-024-01314-1>.
- ISAAA 2019. Global status of commercialized biotech/GM crops: Biotech crops drive socio-economic development and sustainable environment in the new frontier. ISAAA brief 55. Ithaca, NY.
- Regnault-Roger C. 2022. Enjeux biotechnologiques – des OGM à l'édition du genome. Académie d'Agriculture de France, Presse des Mines. ISBN: 978-2-35671-843-3.
- Vu TV, Das S, Hensel G & Kim J-Y 2022. Genome editing and beyond: what does it mean for the future of plant breeding? *Planta* 255:130. <https://doi.org/10.1007/s00425-022-03906-2>.
- Verma V, Kumar A, Partap M, Thakr M & Bhargava B 2023. CRISPR/Cas: a robust technology for enhancing consumer-preferred commercial traits in crops. *Frontiers in Plant Science* 14:1122940. doi:10.3389/fpls.2023.1122940. <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2023.1122940/full>

OBSERVATÓRIO

CULTIVAR

Fig. *FORMAR PELA INSTRUÇÃO, DESENVOLVER.*

Técnicas genómicas: prós e contras

ANSEME E PLATAFORMA TRANSGÉNICOS FORA

Voltamos ao dispositivo que temos utilizado algumas vezes para inquirir diretamente dos agentes no terreno a sua opinião sobre as matérias tratadas na Cultivar. Desta vez, elaborámos também três perguntas, mas colocámo-las apenas a duas associações com visões bastante diferentes sobre estas questões: a ANSEME, Associação Nacional dos Produtores e Comerciantes de Sementes, e a Plataforma Transgénicos Fora.

As perguntas:

1. O aumento de produtividade em termos agrónómicos é um desafio essencial para a humanidade. Será possível obtê-lo apenas com as práticas e tecnologias existentes?
2. Estando as Novas Técnicas Genómicas (NTG) previstas no Pacto Ecológico Europeu/Estratégia do Prado ao Prato, como encara esta opção para a sustentabilidade do setor agroalimentar?
3. Quais as principais questões de natureza ética e social colocadas pelas técnicas genómicas na produção agroalimentar?

As respostas:



A ANSEME¹ tem como missão garantir o bom funcionamento deste setor, assegurando o fornecimento

de sementes em quantidade, qualidade e com as características adequadas às necessidades do mercado. Promove a valorização da semente certificada, trabalhando por um mercado de sementes justo, transparente e profissional.

Tem como Associados empresas especializadas na obtenção, produção e/ou comercialização de sementes em Portugal, desde pequenas empresas familiares a grandes multinacionais, representando quase 90% do mercado. Atualmente, tem em funcionamento seis Secções Técnicas: milho, cereais, oleaginosas, forragens, hortícolas e batata de semente.

A ANSEME apoia e reconhece a importância da proposta de Regulamento sobre as Novas Técnicas Genómicas. Trata-se de uma tecnologia nova que possibilitará produtos inovadores.

1. O aumento de produtividade em termos agrónómicos é um desafio essencial para a humanidade. Será possível obtê-lo apenas com as práticas e tecnologias existentes?

O melhoramento de plantas contribuiu, em mais de 50%, para o aumento da produtividade agrícola. No entanto, o incremento da produtividade tem abrangido nos últimos anos, em grande parte devido às

¹ <https://anseme.pt/>

alterações climáticas, que levam ao aumento da pressão de pragas e doenças, com a agravante de assistirmos à crescente retirada de moléculas/substâncias ativas a nível dos produtos fitofarmacêuticos, ficando assim sem capacidade de as controlar.

Neste sentido, com as atuais técnicas de melhoramento, se nada for feito, estimamos que em média, até 2030, a perda de produtividade poderá chegar a mais de 23%, acrescentando-se a este número a perda de 10% de solo arável e o aumento demográfico. Neste contexto, será muito difícil inverter esta tendência e continuar a garantir produtos acessíveis para consumo nas prateleiras dos supermercados.

Uma vez que a Europa está a demorar bastante tempo para aprovar a utilização destas novas tecnologias, corre o risco de continuar a perder rendimento e ficar cada vez mais dependente de países terceiros, em relação aos quais já se encontra numa situação desfavorável em termos de competitividade. Como exemplo, verifica-se ainda, em vários países terceiros, a utilização de produtos fitofarmacêuticos que já estão banidos na Europa há mais de 20 anos.

É um enorme desafio para o setor agrícola conseguir "erradicar a fome" e produzir alimentos de forma sustentável e simultaneamente com capacidade de adaptação às alterações climáticas, que permitam o aumento da produtividade de modo a obter rendimentos para garantir a continuidade da atividade agrícola.

O desafio é grande, pois passámos os últimos anos com uma forte pressão ambiental sobre o setor, na nossa opinião, sem razão de ser, pois se há atividade onde tem havido uma grande mudança no sentido da otimização de recursos e do respeito pelo solo, é no setor agrícola. Um setor ao qual se exige não só que reduza os seus potenciais impactos ambientais negativos, mas que seja também o garante da subsistência humana e da sustentabilidade do planeta.

Será, portanto, muito difícil conseguir aumentos de produtividade com as atuais técnicas, produtos e práticas. Temos novos problemas que requerem

soluções inovadoras. As NTG são um exemplo das ferramentas que podem fazer a diferença no atual contexto agrícola, uma vez que o tempo necessário para a obtenção de novas variedades é menor, conseguindo-se desta forma adaptar com maior flexibilidade as atividades de melhoramento de plantas às necessidades da produção.

2. Estando as Novas Técnicas Genômicas (NTG) previstas no Pacto Ecológico Europeu/ Estratégia do Prado ao Prato, como encara esta opção para a sustentabilidade do setor agroalimentar?

Esta opção vem, sem dúvida, favorecer a sustentabilidade do setor agroalimentar. Trata-se de uma tecnologia que permite não só uma adaptação mais célere a novas condições de produção, mas também respostas mais eficientes aos problemas que surgem, permitindo a obtenção de variedades menos exigentes noutros fatores de produção, pelo que se enquadra exatamente nos objetivos previstos por esta Estratégia.

Tendo em conta que estas técnicas consistem no silenciamento de genes e em mutações dirigidas, o DNA das plantas por elas obtidas não contém qualquer material genético estranho à espécie e, atendendo às metas colocadas pela União Europeia (UE) em termos de sustentabilidade, seria até um contrassenso a Europa não adotar este tipo de tecnologias.

Também ao nível do comércio internacional se colocam questões que podem culminar com mais desvantagens do ponto de vista concorrencial para os sistemas agroalimentares europeus, uma vez que é impossível distinguir estas plantas daquelas que são obtidas de forma convencional. A entrada destas variedades no espaço europeu será muito difícil de controlar, pelo que consideramos perfeitamente injusta a proibição da sua obtenção dentro do espaço comunitário.

Importa referir ainda que se trata de uma tecnologia que, para além de inovadora, é relativamente barata. Sendo acessível às PME, a regulamentação

destas tecnologias e variedades delas decorrentes é um contributo extremamente importante para o melhoramento vegetal europeu, uma vez que na UE este setor é constituído essencialmente por PME (mais de 50% das empresas obtentoras de novas variedades).

Estando previstos no Pacto Ecológico Europeu/Estratégia do Prado ao Prato, os produtos NTG têm o potencial de contribuir para sistemas agroalimentares sustentáveis, onde será mais rápido o desenvolvimento de variedades novas ou melhoradas, mais resilientes, que se adaptem melhor aos efeitos das alterações climáticas, com melhor resposta a ataques de pragas e doenças.

As vantagens destas tecnologias, como a utilização reduzida de outros fatores de produção, o aumento de tempo de prateleira do produto (com menor desperdício alimentar) e o aumento da segurança alimentar (menos alergias e intolerâncias alimentares), devem estar disponíveis, o quanto antes, para os consumidores europeus.

Desta forma, porque somos a favor da preservação do meio ambiente e dos sistemas agroalimentares, acreditamos nas variedades melhoradas, mais rentáveis para o agricultor e menos exigentes em fatores de produção (produtos fitofarmacêuticos, fertilizantes, água) e acreditamos que as NTG podem ter um papel fundamental na sustentabilidade e na biodiversidade do setor agroalimentar.

3. Quais as principais questões de natureza ética e social colocadas pelas técnicas genómicas na produção agroalimentar?

Existem vozes contra estas tecnologias que alegam que a utilização destas técnicas condiciona a liberdade de escolha do consumidor e poderá ameaçar a existência de variedades tradicionais.

Importa esclarecer que a evolução varietal das espécies utilizadas na agricultura é uma realidade antiga. Com o estabelecimento dos primeiros sistemas agroalimentares, o Homem começou a seleccio-

nar as plantas que pretendia propagar e a interferir assim com a composição genética dos ecossistemas. Há aliás espécies, como por exemplo o milho que é base da alimentação mundial, que não existiam na natureza, tendo sido desenvolvidas pelo ser humano a partir de outras, mais rudimentares.

Conforme referido anteriormente, estas técnicas dão origem a variedades completamente indistintas das variedades obtidas por técnicas de melhoramento convencional, consistindo apenas num acelerar de resultados.

Nunca antes foi exigido, por parte do consumidor, o conhecimento da técnica que deu origem a determinada variedade. Não se questiona o aparecimento de frutos sem caroço ou de tomate *cherry*...

Quanto à conservação de variedades tradicionais, o setor das sementes é talvez o setor de atividade que mais tem contribuído para a preservação dos recursos genéticos vegetais, que são afinal, a matéria-prima da atividade dos nossos Associados.

Esta conservação é feita em locais próprios, através de técnicas específicas. A manutenção de variedades tradicionais de hortícolas em Portugal tem sido assegurada (financiada e promovida) pela ANSEME.

O desenvolvimento e uso de novas variedades, mais competitivas, não invalida a conservação de recursos genéticos vegetais.

Na nossa opinião, as questões levantadas contra a introdução das variedades obtidas por NTG na produção agroalimentar, são perfeitamente infundamentadas.

Em resumo, entendemos que as Novas Técnicas Genómicas são fundamentais para aumentar a competitividade do setor agroalimentar europeu, para garantir a segurança alimentar na União Europeia e para promover o alcance das estratégias do Prado ao Prato e do Pacto Verde, mitigando o impacto das alterações climáticas na produtividade agrícola.

TRANSGÉNICOS FORA

PLATAFORMA POR UMA AGRICULTURA SUSTENTÁVEL



A Plataforma Transgênicos Fora² defende uma agricultura sustentável orientada para a proteção da biodiversidade e do direito dos povos à soberania sobre o seu patrimônio genético comum. É composta por dez organizações do ambiente, da agricultura e do desenvolvimento rural, e ainda centenas de apoiantes a título individual.

1. Aumentar a produtividade em termos agronômicos é um desafio essencial para a humanidade. Isso pode ser alcançado apenas com práticas e tecnologias existentes?

Esta temática carece de uma contextualização introdutória. A busca incessante de novidade e invenção, inerente à condição humana, tem propulsionado o veloz progresso da espécie humana. Contudo, apesar de esse ímpeto nos ter trazido tão longe, continuamos comparativamente rudimentares na capacidade para refletir, agir e prever os efeitos desse notável percurso. Foi uma evolução com pesados custos, alguns dos quais irreversíveis como, por exemplo, a extinção de milhares de espécies, a contaminação da cadeia alimentar por microplásticos ou as emergentes alterações climáticas. Deslumbrados por novidades que potenciam ganhos de curto prazo, sistematicamente sabotamos ações que nos protejam das consequências dramáticas do nosso processo evolutivo.

Nesta era da (des)informação parece inglória a batalha contra os argumentos falaciosos de lóbis que têm logrado manipular formadores de opinião e decisores políticos. Argumentos auspiciosos e vanguardistas, apresentados com lógicas cristalinas, mas que frequentemente enfermam de fragilidades, ignoram dúvidas importantes e escondem efeitos danosos.

Não existem soluções mágicas para resolver complexas problemáticas mundiais, tais como a insegurança alimentar, a vulnerabilidade alimentar e a pobreza. A tentativa de aplicar expedientes tecnológicos para mitigar a fome no mundo, como os organismos geneticamente modificados (OGM) e lógicas mercantilistas com resultado noutras indústrias, revelou-se uma promessa gorada (exceto para os lucros dos seus promotores) aportando, ao invés, novos e graves problemas³.

Sem preconceitos contra as tecnologias, a história exige-nos renovada humildade para visitar os processos que a natureza afinou durante milhões de anos. A agricultura biológica, por exemplo, resgata princípios da natureza, convocando a biodiversidade e o conhecimento humano para a proteção e o sucesso das culturas. Um solo vivo sequestra carbono e é a base sustentável da abundância alimentar.

Sabemos há muito que intervenções significativas nos ecossistemas desencadeiam consequências em cascata, sendo crucial redobrada cautela ao ponderar benefícios, riscos e prejuízos. Urge refrear o deslumbramento pela biotecnologia e perder a credulidade ingénuo nos seus agentes: a história está repleta de embustes e de manipulações de pareceres científicos nas indústrias tabaqueira, agroquímica, automóvel, alimentar e outras. É imperativo o escrutínio independente da informação veiculada pelos lobistas e por certos cientistas. Nesta área, a maioria dos investigadores trabalha para a indústria, focam-se na produção de resultados sem questionamento, e a segurança dos OGM é investigada pela indústria que os cria e comercializa.

Há evidências alarmantes, como é o caso dos pesticidas que iam diminuir com os OGM quando o contrário aconteceu⁴. As infestantes/pragas adaptam-se, aumentam a sua resistência requerendo o aumento crescente e insustentável de pesticidas, cada vez mais tóxicos⁵.

² <https://www.stopogm.net/>

³ <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0743016711000830>

⁴ <https://enveurope.springeropen.com/articles/10.1186/2190-4715-24-24>

⁵ <https://www.science.org/doi/full/10.1126/science.abe1148>

O enunciado da pergunta é questionável, pois de acordo com várias organizações internacionais, como a FAO, o mundo está a produzir alimentos suficientes⁶ para todos (incluindo na Europa⁷), e tem, mesmo sem os Novos OGM⁸ ou Novas Técnicas Genómicas (nOGM/NTG), capacidade para dobrar essa produção⁹, e ainda assim 10% da população global¹⁰ enfrenta a fome¹¹. Só atendendo aos custos sociais¹² poderemos aferir objetivamente os benefícios e malefícios dos modelos produtivos. Vários relatórios oficiais¹³ refletem-nos, mas têm sido ignorados pela análise agronómica e económica convencionais.

O argumento produtivista – seja ele elaborado enquanto aumento do rendimento dos cultivos ou do rendimento do capital – não reflete os reais resultados obtidos, é falacioso quanto à redução efetiva da fome e da vulnerabilidade alimentar, e não tem em conta a eficiência¹⁴ e a sustentabilidade¹⁵ dos recursos utilizados. Nos Estados Unidos, o maior produtor de culturas OGM, 13% da população vive em áreas designadas como desertos alimentares¹⁶. Da mesma forma, o aumento da produção agrícola na União Europeia não reduziu os níveis de desnutrição e fome.

Isto ocorre porque tais desafios humanitários não se limitam à escassez de comida, estendem-se às desigualdades redistributivas¹⁷, e às injustiças e conflitos sociais que afetam principalmente os mais pobres, paradoxalmente, incluindo muitos agricultores. Em Portugal, 12% da população enfrenta desafios ali-

mentares¹⁸, agravados por uma inflação relacionada com o aumento dos custos de produção, com as margens de lucro dos intermediários, e com uma cadeia de negócio que desperdiça entre 30-50% dos alimentos produzidos¹⁹.

É diante desta complexa realidade, que a agricultura biológica, biodinâmica e a agroecologia (AB/AD/AE) emergem como modelos alternativos viáveis e resilientes²⁰, porque:

- enfatizam práticas agrícolas sustentáveis, que utilizam de forma mais eficiente os recursos naturais, humanos e culturais das regiões de produção, e salvaguardam florestas e aquíferos;
- integram o cálculo dos custos sociais na produção;
- reduzem os impactos negativos da produção convencional, diminuindo o uso de produtos químicos e contrariando o modelo de monocultura;
- promovem uma maior diversidade de espécies agrícolas e um melhor equilíbrio ecossistémico;
- adotam uma forma de distribuição mais equitativa, baseada na proximidade;
- reduzem o desperdício alimentar;
- preservam os conhecimentos tradicionais, minimizando a dependência do mercado e das suas flutuações, muito vulneráveis a choques como os originados por conflitos armados.

⁶ <https://www.ers.usda.gov/amber-waves/2018/march/agricultural-productivity-growth-in-the-united-states-1948-2015>

⁷ https://www.ers.usda.gov/webdocs/outlooks/40408/30645_wrs0404e_002.pdf

⁸ <https://www.ers.usda.gov/publications/pub-details/?pubid=45182>

⁹ <https://www.bloomberg.com/news/features/2020-12-15/no-more-hunger-how-to-feed-everyone-on-earth-with-just-the-land-we-have>

¹⁰ <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5996965/>

¹¹ <https://waronwant.org/sites/default/files/2023-02/Profiting from hunger PDF download.pdf>

¹² <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S095937802200005X>

¹³ https://ipes-food.org/_img/upload/files/AnotherPerfectStorm.pdf

¹⁴ <https://www.foodsecurity.ac.uk/publications/food-waste-within-global-food-systems.pdf>

¹⁵ <http://www.srfod.org/en/wake-up-before-it-is-too-late-report-on-sustainable-agriculture-for-unctad>

¹⁶ <https://www.aecf.org/blog/exploring-americas-food-deserts>

¹⁷ <https://waronwant.org/sites/default/files/2023-02/Profiting%20from%20hunger%20PDF%20download.pdf>

¹⁸ <https://eco.sapo.pt/2023/07/12/mais-de-12-da-populacao-portuguesa-em-inseguranca-alimentar-moderada-ou-severa/>

¹⁹ <https://www.arcgis.com/apps/Cascade/index.html?appid=5235a8d8c6014e44ac8723f14540ce31>

²⁰ <https://getpocket.com/explore/item/diet-for-a-hotter-climate-five-plants-that-could-help-feed-the-world>

2. Estando as Novas Técnicas Genômicas (NTG) previstas no Pacto Ecológico Europeu/ Estratégia do Prado ao Prato, como encara esta opção para a sustentabilidade do setor agroalimentar?

É importante esclarecer que, quanto à sustentabilidade dos nOGM/NTG, estamos no campo da mera conjectura. Na realidade, apesar da ampla cobertura mediática, e de terem sido aprovadas milhares de variedades OGM, as que resultaram para comercialização são ridiculamente escassas²¹ (sobretudo soja, milho, colza e beterraba sacarina) e destinadas apenas à alimentação animal e processamento industrial. Não chegam aos supermercados nem representam qualquer benefício para a sustentabilidade. Um exemplo ilustrativo foi a retirada do mercado do óleo de soja de alto teor de ácido oleico²² por reduzida adesão dos agricultores, uma vez que apresentou baixos rendimentos, ao contrário do prometido. Um relatório da agência europeia JRC²³ revela que apenas 16 variedades nOGM/NTG estão à espera de aprovação na UE, seis das quais têm apenas a propriedade de serem resistentes a um herbicida. Perante diversas contradições e impactos negativos, são legítimas as preocupações acerca da sustentabilidade económica e agrícola dos nOGM/NTG.

Embora a indústria apresente a manipulação genética como uma autêntica “rocket science”, a verdade é que é imperfeita e muito restrita, incidindo apenas sobre um ou poucos genes, enquanto os métodos de criação convencionais alteram de forma sistémica o

genoma no seu todo, dando origem a perfis nutricionais superiores e que respondem aos desafios concretos que enfrentamos: resistência a pragas e doenças, tolerância à seca e rendimentos superiores. Os exemplos de sucesso com variedades não-OGM em enfrentar os desafios mencionados abundam.²⁴ No entanto, estas culturas estão a ser intencionalmente marginalizadas, com o próprio Pacto Ecológico Europeu a dar uma ênfase desproporcional a favor dos nOGM/NTG, desviando a atenção da eficiência e sustentabilidade de culturas convencionais e biológicas não-OGM²⁵. Por seu lado, os cultivos OGM são muito resistentes, mas a herbicidas²⁶ (por ex., glifosato), tolerando sobredosagens destes produtos tóxicos, causando resistência das pragas, e provocando consequências nefastas para o ambiente e para a saúde humana.

A abordagem das AB/AD/AE apresenta-se como a mais integrada, a que preserva os equilíbrios naturais, e a que melhores respostas entrega. Equivoca-se quem acredita que as soluções NTG e seus equivalentes agroquímicos são a panaceia para a sustentabilidade – um conceito sistémico que abarca a complexidade ambiental e boas práticas agrícolas²⁷, e opera bem para além do foco no monopólio de patentes²⁸ e na informação genética retida nos cofres de umas poucas multinacionais.

A preocupação com o impacto negativo na (agro) biodiversidade, na saúde, na produção, na soberania alimentar, no solo, no consumo de água, entre outros, impulsionou um movimento internacional de produtores, cidadãos, decisores políticos, movi-

²¹ https://www.ers.usda.gov/webdocs/publications/43731/13396_eib11_1_.pdf

²² <https://investor.cibus.com/news-releases/news-release-details/calyxt-announces-next-generation-premium-soybean-product-line>

²³ <https://publications.jrc.ec.europa.eu/repository/handle/JRC123830>

²⁴ <https://www.intechopen.com/chapters/86467>; <https://www.nationalacademies.org/our-work/lost-crops-of-africa>; <https://getpocket.com/explore/item/diet-for-a-hotter-climate-five-plants-that-could-help-feed-the-world>; <https://www.cambridge.org/core/journals/weed-technology/article/sustainable-approach-for-weed-and-insect-management-in-sweetpotato-breeding-for-weed-and-insect-tolerant-resistant-clones/B88AEF6DBFDE0FF92EF7F1E525E00E9B#>; <https://link.springer.com/article/10.1007/s10584-015-1459-2>; <https://www.fao.org/3/ca3781en/ca3781en.pdf>; <https://www.plantsciences.ucdavis.edu/news/uc-davis-releases-6-new-varieties-organic-beans>; Base de dados de sucessos não OGM: <https://gmwatch.org/en/articles/non-gm-successes>

²⁵ <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2214574520301528>

²⁶ <https://www.isaaa.org/resources/publications/briefs/52/download/isaaa-brief-52-2016.pdf>

²⁷ https://www.ipes-food.org/_img/upload/files/UniformityToDiversity_FULLL.pdf

²⁸ <https://www.testbiotech.org/en/news/increasing-number-patents-food-plants-and-new-ge>

mentos sociais, ambientais e científicos, que exigem a regulamentação das culturas nOGM/NTG, e uma política agrícola baseada nas AB/AD/AE para assegurar uma verdadeira sustentabilidade agroalimentar.

3. Quais as principais questões de natureza ética e social colocadas pelas técnicas genômicas na produção agroalimentar?

Uma das inquietações reside nos direitos dos consumidores e dos produtores. Por um lado, vários inquéritos demonstram que os consumidores europeus preferem alimentos não OGM²⁹. Numa recente petição³⁰, centenas de milhares de cidadãos europeus opuseram-se à desregulamentação dos nOGM/NTG, mostrando-se céticos quanto à segurança destes produtos e exigindo que sejam devidamente regulados e rotulados, salvaguardando o seu direito de escolha e de recusa.

A privatização, o controle da informação genética, da produção de sementes e de outros recursos agrícolas nas mãos de um punhado de multinacionais instalou uma política de preços altos³¹, que vai reduzindo a independência dos agricultores e ameaçando, cada vez mais, a segurança e a soberania alimentares dos povos. Os monopólios no mercado das sementes tendem ainda a limitar a diversidade das variedades disponíveis³² para produção, favorecendo variedades ditas “cash crops”, em detrimento de outras que poderiam sustentar sistemas alimentares locais mais autónomos.

Uma vez adotadas as variantes patenteadas, os agricultores ficam vinculados a contratos anuais para aquisição de sementes, pesticidas e fertilizantes específicos, dado que as plantas modificadas não se reproduzem de forma viável. Por outro lado, a expectativa gorada de retorno financeiro endivida os agricultores, estando referidos centenas de casos de falência nos EUA e muitos milhares de suicídios na Índia.

Muitos agricultores que possuíam terrenos próximos de cultivos de plantas OGM viram as suas colheitas contaminadas por estas sementes. Não bastando, foram alvo de processos judiciais por posse e cultivo ilegal de sementes patenteadas³³, sofrendo, assim, graves consequências económicas e psicológicas.

Por outro lado, os riscos para a saúde não advêm de exercícios conspiratórios – estudos focados na alimentação animal revelaram efeitos tóxicos ou alérgicos inesperados das culturas OGM de primeira geração.³⁴ Não há motivo para presumir que as novas técnicas não apresentem riscos semelhantes, especialmente considerando que, até ao momento, não foram publicados estudos que comprovem a segurança destas plantas para o consumo humano. Muitos cientistas, incluindo os de agências reguladoras como a ANSES³⁵, na França, e a BfN³⁶, na Alemanha, têm alertado para os perigos que podem representar para a saúde e para o ambiente, com riscos diversos e inesperados, incluindo a reprodução por mutagenese aleatória.

²⁹ https://www.pewresearch.org/science/wp-content/uploads/sites/16/2020/09/PS_2020.09.29_global-science_REPORT.pdf

³⁰ <https://www.euractiv.com/section/agriculture-food/news/eu-citizens-rally-against-gene-editing-deregulation-ahead-of-eu-proposal/>

³¹ <https://www.ers.usda.gov/data-products/chart-gallery/gallery/chart-detail/?chartId=106785>

³² <https://enveurope.springeropen.com/articles/10.1186/2190-4715-25-12>

³³ <https://www.theguardian.com/environment/2013/feb/12/monsanto-sues-farmers-seed-patents>

³⁴ Exemplos incluem:

https://www.academia.edu/3405345/Histopathological_Changes_in_Some_Organs_of_Male_Rats_Fed_on_Genetically_Modified_Corn_Ajeeb_YG;

https://www.academia.edu/3138607/Morphological_and_Biochemical_Changes_in_Male_Rats_Fed_on_Genetically_Modified_Corn_Ajeeb_YG; <http://www.enveurope.com/content/23/1/10>;

<https://www.ejh.it/index.php/ejh/article/viewFile/851/971>; <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1871141307002442>

³⁵ <https://www.anses.fr/fr/content/avis-2023-auto-0189>

³⁶ <https://www.bfn.de/publikationen/positionspapier/new-developments-and-regulatory-issues-plant-genetic-engineering>

Do ponto de vista ambiental, os nOGM/NTG acarretam riscos imprevistos³⁷, como a potencial disseminação de genes modificados nas populações selvagens. Este é um processo irreversível com potencial de extinção que perturba o ecossistema e potencia o surgimento de novas pestes, acelerando a perda de biodiversidade.

Não faltam, portanto, motivos para que as plantas NTG sejam submetidas a uma avaliação robusta de

riscos, caso a caso, antes de ser concedida a aprovação para a sua comercialização. No entanto, as atuais propostas de desregulamentação para os nOGM/NTG eliminam tais salvaguardas na quase totalidade das plantas NTG.

O princípio da precaução é, eticamente e neste caso, absolutamente indispensável – e deve nortear as atuais decisões políticas.

³⁷ <https://www.preprints.org/manuscript/202311.1897/v1>

Contribuindo para o melhoramento vegetal de NOVA geração

MARIA CARLOTA VAZ PATTO

ITQB NOVA – Instituto de Tecnologia Química e Biológica António Xavier

Explorar a diversidade genética das culturas é fundamental para o melhoramento das plantas. De facto, a contínua identificação de alelos benéficos para características de interesse nos recursos genéticos vegetais possibilita o desenvolvimento de novas variedades capazes de enfrentar os constantes desafios da agricultura global (FAO, 2010).

Nas últimas décadas, houve uma transição no processo de melhoramento vegetal, onde a ênfase deixou de estar exclusivamente na fenotipagem, que é a avaliação das características visíveis de uma planta, para uma dependência crescente na avaliação e seleção da diversidade com base no genótipo, que se refere à composição genética específica de um organismo (Varshney *et al.*, 2014).

Atualmente, a avaliação em larga escala da diversidade genética e a seleção com base no genótipo são práticas comuns numa vasta gama de

espécies vegetais, tanto em culturas com elevado interesse económico como em culturas “órfãs”. Esse avanço só foi possível pelo desenvolvimento e uso de marcadores moleculares.

Nas últimas décadas, houve uma transição no processo de melhoramento vegetal, onde a ênfase deixou de estar exclusivamente na fenotipagem ... para uma dependência crescente na avaliação e seleção da diversidade com base no genótipo ...

Os marcadores moleculares, também conhecidos como marcadores de DNA, são sequências identificáveis de DNA localizadas em posições específicas do genoma. Estes são usados para detetar variações na sequência de nucleótidos do DNA. Um marcador molecular associado a uma

característica de interesse nas plantas pode fazer parte de um gene que controla essa característica ou, mais frequentemente, de um segmento de DNA próximo a esse gene de interesse.

A identificação de marcadores moleculares associados a características fenotípicas de interesse possibilita a seleção de plantas em fases mais precoces do seu ciclo de desenvolvimento ...

A identificação de marcadores moleculares associados a características fenotípicas de interesse possibilita a seleção de plantas em fases mais precoces do seu ciclo de desenvolvimento (ex. ainda

em plântula). Esta seleção é também alcançada com maior precisão porque, ao contrário das características fenotípicas, os marcadores moleculares não são influenciados por fatores ambientais ou pelo estado de desenvolvimento da planta.

Um dos tipos de marcadores moleculares mais populares no melhoramento de plantas são os polimorfismos de nucleótido único (*Single Nucleotide Polymorphism* – SNP). Esses marcadores representam variações na sequência de DNA em que um único nucleótido – Adenina (A), Timina (T), Citosina (C) ou Guanina (G) – difere no genoma, por exemplo, entre diferentes variedades de uma determinada cultura.

Os marcadores moleculares estão disponíveis há mais de 25 anos. No entanto, o desenvolvimento da sequenciação de nova geração (*Next-Generation Sequencing* – NGS) revolucionou completamente o melhoramento de plantas.

A sequenciação de nova geração (NGS) é um método de sequenciação aplicável ao DNA e de alto rendimento que combina processos paralelos para gerar milhões de sequências simultaneamente. Isso permite a sequenciação de milhares de genes ou genomas inteiros num curto espaço de tempo e a um custo reduzido.

Cada vez mais estudos estão a aproveitar este avanço científico juntamente com técnicas de análise de grandes conjuntos de dados para entender melhor a relação entre o genótipo e o fenótipo. Isto tem ajudado a desbloquear o potencial dos recursos genéticos vegetais no melhoramento de plantas.

Esta seleção é também alcançada com maior precisão porque ... os marcadores moleculares não são influenciados por fatores ambientais ou pelo estado de desenvolvimento da planta.

Muitas das características de interesse na agricultura, como a produtividade, a resistência a stresses e a qualidade, são complexas, pois dependem de múltiplos genes, cada um deles com efeitos reduzidos.

O estudo de associação alargada a todo o genoma ... é uma técnica quantitativa que procura identificar variantes genéticas distribuídas por todo o genoma associadas a uma característica específica de interesse.

Os estudos de associação alargada a todo o genoma (*Genome Wide Association Studies* – GWAS, Liu e Yan, 2019) e a seleção genómica (*Genomic Selection* – GS, Voss-Fels *et al.*, 2019) são métodos robustos de análise

de grandes conjuntos de dados utilizados para esclarecer as relações entre marcadores moleculares e características de interesse, visando uma melhor compreensão das características complexas nas plantas (Varshney *et al.*, 2021). Ambas as abordagens aceleram a taxa de ganho genético e reduzem

o tempo necessário para um ciclo de seleção (Bentley & Chen, 2022).

Muitas das características de interesse na agricultura, como a produtividade, a resistência a stresses e a qualidade, são complexas, pois

dependem de múltiplos genes, cada um deles com efeitos reduzidos. Isto torna essas características mais difíceis de manipular no contexto do melhoramento vegetal.

O estudo de associação alargada a todo o genoma (GWAS) é uma técnica quantitativa que procura identificar variantes genéticas distribuídas por todo o genoma associadas a uma característica específica de interesse. Este procedimento é baseado no uso de uma população natural de uma determinada espécie

ou uma coleção de indivíduos não relacionados. Esta abordagem permite ainda entender a arquitetura genética subjacente a características complexas (Liu e Yan, 2019). Por outro lado, a seleção baseada em marcadores moleculares (*Marker-Assisted*

Selection – MAS) utiliza um conjunto relativamente pequeno de posições no genoma (*loci*), normalmente identificadas como tendo efeitos fenotípicos

significativos através de GWAS, para selecionar indivíduos com as características desejadas.

Adicionalmente, a seleção genômica (GS) utiliza todos os *loci* e haplótipos (combinações de *loci* adjacentes) disponíveis como indicadores do valor genético durante o processo de seleção. Essa abordagem é particularmente útil quando o sucesso das novas variedades depende de combinações específicas de muitos *loci* com efeitos reduzidos.

Na seleção genômica (GS), os efeitos de todos os *loci* do genoma na característica de interesse são calculados, não se limitando apenas aos *loci* associados à característica, identificados pelo GWAS. Esses cálculos são usados na determinação dos valores de melhoramento estimados genomicamente (*Genomic Estimated Breeding Values* – GEBV) dos indivíduos numa população representativa do programa de melhoramento em questão, conhecida como população de treino, para os quais existem dados fenotípicos e genotípicos. Esta população de treino é utilizada para desenvolver uma equação de previsão (modelo de seleção), que será então usada para calcular os GEBV das plântulas em seleção no programa de melhoramento, para as quais apenas estão disponíveis dados genotípicos. Com base nos GEBV calculados, os indivíduos são selecionados para o novo ciclo de seleção, eliminando a necessidade de recolher dados fenotípicos (Voss-Fels *et al.*, 2019).

Na última década, os melhoradores de plantas fizeram avanços significativos na identificação de dados genômicos que podem ser utilizados para aumentar a eficiência e a velocidade da seleção no melhoramento vegetal. Apesar disso, embora essas ferramentas genômicas se tenham tornado comuns em países altamente industrializados, a sua disponibilidade

ainda é limitada em muitos sítios, especialmente nos países em desenvolvimento. Como resultado, essas ferramentas ainda não estão amplamente acessíveis, especialmente para as culturas negligenciadas e subutilizadas (*Neglected or Underutilized Crops* – NUC).

No grupo de Genética e Genômica das Características Complexas de Plantas (PlantX), do ITQB NOVA¹, desenvolvemos investigação na área da genética quantitativa molecular aplicada ao melhoramento de plantas. O objetivo do PlantX é contribuir para um melhoramento mais rápido e eficiente de cereais e leguminosas, algumas das quais são NUC com

importância social ou económica para o país. Além do aumento da produção, o nosso foco inclui a resistência a doenças e intempéries (como a seca), a qualidade nutricional, organoléptica e de processamento, e outras características complexas desejáveis. Os resultados do grupo têm sido divulgados através de diversas publicações científicas e técnicas e, atualmente, estão a ser aplicados em materiais de pré-melhoramento obtidos através de atividades de investigação participativa.

No PlantX, acreditamos que, para acelerar e tornar mais eficiente o desenvolvimento de novas variedades, é necessário identificar fontes ou doadores das características desejadas, como resistência a doenças ou maior qualidade. Igualmente, é crucial

compreender os mecanismos moleculares e a base genética subjacente a essa resistência ou melhor qualidade, para poder desenvolver ferramentas de seleção mais eficientes.

Para identificar novas fontes de características desejáveis, o PlantX utiliza a diversidade natural

Na última década, os melhoradores de plantas fizeram avanços significativos na identificação de dados genômicos que podem ser utilizados para aumentar a eficiência e a velocidade da seleção no melhoramento vegetal.

O objetivo do PlantX é contribuir para um melhoramento mais rápido e eficiente de cereais e leguminosas, algumas das quais são NUC [culturas negligenciadas e subutilizadas] com importância social ou económica para o país.

¹ <https://www.itqb.unl.pt/research/plant-sciences/plantx>

presente no germoplasma nacional. Para isso, fazemos expedições de colheita de germoplasma em regiões do país onde ainda são cultivadas variedades tradicionais, como aconteceu no caso do milho e feijão português (Vaz Patto *et al.*, 2007). Além disso, recorreremos a coleções existentes no Banco Português de Germoplasma Vegetal (BPGV) e em bancos internacionais, como o USDA-ARS (EUA), o IPK Leibniz Institute (Alemanha) e o CRF-INIA (Espanha). O objetivo é estabelecer coleções extensas de variedades tradicionais que não estejam geneticamente relacionadas entre si.

Uma vez estabelecidas estas coleções, iniciamos a sua caracterização fenotípica detalhada, empregando diferentes abordagens de acordo com a característica de interesse em estudo.

Para investigar a resistência a doenças, por exemplo, analisamos a resposta à infecção por diferentes agentes patogênicos. Quando analisamos a resistência ou tolerância ao *deficit* hídrico, avaliamos vários parâmetros morfológicos e fisiológicos, como a eficiência da fotossíntese, para entender a resposta das plantas às condições de stresse. Estes estudos podem ser conduzidos em condições controladas (em fitoclimas), semi-controladas (em estufas) ou em campo, e são sempre acompanhados por delineamentos experimentais robustos, permitindo análises mais fundamentadas dos resultados.

Normalmente, as variedades com respostas mais contrastantes (por exemplo, mais resistentes e mais suscetíveis) são selecionadas para estudos mais detalhados, como análises histológicas e moleculares, com o objetivo de esclarecer os mecanismos que conferem efetivamente a resistência.

Para identificar novas fontes de características desejáveis, o PlantX utiliza a diversidade natural presente no germoplasma nacional. Para isso, fazemos expedições de colheita de germoplasma em regiões do país onde ainda são cultivadas variedades tradicionais, como aconteceu no caso do milho e feijão português ...

Ao integrar estatisticamente a variabilidade fenotípica com a variabilidade detetada no DNA usando marcadores moleculares nessas mesmas coleções de variedades, somos capazes de identificar os genes que controlam as características complexas relevantes ...

No que diz respeito à qualidade nutricional, organoléptica ou de processamento, utilizamos abordagens metabólicas direcionadas e não direcionadas, além de contarmos com a colaboração de consumidores e processadores para uma caracterização detalhada dos nossos materiais vegetais. Esta caracte-

terização está normalmente associada a ensaios de campo extensos, dos quais as amostras a serem analisadas são colhidas, permitindo também investigar o efeito do ambiente na qualidade.

A caracterização destas coleções de variedades não relacionadas também nos permite estudar a base genética das características de interesse, por meio de estudos de associação GWAS. Ao integrar estatisticamente a variabilidade fenotípica com a variabilidade detetada no DNA usando marcadores moleculares

nessas mesmas coleções de variedades, somos capazes de identificar os genes que controlam as características complexas relevantes, como a qualidade para o consumidor (nutricional, organoléptica, de processamento) e a resistência a stresses bióticos (doenças causadas por fungos) e abióticos (tolerância à

seca) em cereais e leguminosas de interesse nacional, como milho, feijão e chícharo. Com base nessas informações, desenvolvemos modelos de controlo, métodos científicos e ferramentas moleculares para apoiar programas de melhoramento de plantas de precisão.

Entre as características de qualidade que investigamos e para as quais identificamos marcadores moleculares associados ou genes candidatos por meio de GWAS, destacamos o teor em proteína, fibra, compostos antioxidantes (Alves *et al.*, 2020a), compostos voláteis relacionados com o aroma (Alves *et al.*, 2020b), e a capacidade de panificação no milho

(Alves *et al.*, 2019), assim como a composição nutricional e a qualidade da proteína no feijão (Mendes *et al.*, 2022).

Em relação à identificação da base genética da resistência a stresses bióticos ou abióticos pelo PlantX, exemplos podem ser encontrados no feijão nacional (*Phaseolus vulgaris*) contra o fusário (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*) (Leitão *et al.*, 2020), o oídio (*Erysiphe diffusa*) (Leitão *et al.*, 2023a), a ferrugem (*Uromyces appendiculatus*) (Leitão *et al.*, 2023b) ou o stress hídrico (Leitão *et al.*, 2021). No chícharo (*Lathyrus sativus*), os estudos genéticos desenvolvidos pelo PlantX visaram esclarecer a resistência ao fusário (*F. oxysporum* f. sp. *pisi*) (Sampaio *et al.*, 2021), à ferrugem (*Uromyces pisi*) (Martins *et al.*, 2022), e a diferentes espécies de oídio (*Erysiphe pisi* e *Erysiphe trifolii*) (Martins *et al.*, 2023).

Com base nestas informações genéticas, é possível delinear estratégias moleculares, como o melhoramento assistido por marcadores moleculares (MAS), que emprega as ferramentas biotecnológicas desenvolvidas. Este método simplifica o processo de seleção de genótipos de interesse, tornando-o mais eficiente, rápido e preciso.

Atualmente, no caso do chícharo e do feijão, as entradas identificadas como mais promissoras em termos de resistência e qualidade estão a ser incluídas em cruzamentos controlados para desenvolver materiais de pré-melhoramento. Estes materiais estão a ser desenvolvidos como parte das atividades de investigação participativa realizadas no Laboratório Vivo de Alvaiázere (agora integrado no projeto europeu H2020 DIVINFOOD) para o chícharo, e na iniciativa de ciência cidadã “Oeiras Experimenta” para o feijão, nas quais o PlantX desempenha um papel muito ativo.

Para as características mais complexas, como a resistência a stresses abióticos (deficit hídrico), controladas por um maior número de genes com pequenos efeitos, estamos também atualmente a desenvolver no PlantX modelos de seleção genómica.

Este tipo de investigação de fronteira só tem sido possível graças a uma colaboração multidisciplinar e participativa, envolvendo cidadãos, agricultores e diversos grupos de investigação nacionais ...

Para as características mais complexas, como a resistência a stresses abióticos (*deficit hídrico*), controladas por um maior número de genes com pequenos efeitos, estamos também atualmente a desenvolver no PlantX modelos de seleção genómica (GS). Diferentes aproximações estatísticas estão a ser testadas neste desenvolvimento, desde a Previsão Genómica Linear Não Enviada (*Genomic Best Linear Unbiased Prediction* – GBLUP), menos exigente do ponto de vista computacional, até modelos ponderados com os resultados de GWAS e de maior precisão (Voss-Fels *et al.*, 2019). Estes vão permitir uma seleção mais precisa no melhoramento do chícharo ou do feijão, com vista ao desenvolvimento de variedades mais resistentes ao stress hídrico.

Este tipo de investigação de fronteira só tem sido possível graças a uma colaboração multidisciplinar e participativa, envolvendo cidadãos, agricultores e diversos grupos de investigação nacionais, como o Instituto de Tecnologia Química e Biológica António Xavier (ITQB NOVA), o Instituto de Biologia Experimental e Tecnológica (iBET), a Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa (FFUL), o Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária (INIAV) e a Escola Superior Agrária de Coimbra – Instituto Politécnico de Coimbra (ESAC-IPC), e internacionais, como o BIOMETRIS-WUR (Países Baixos) e o IAS-CSIC (Espanha). Esta colaboração engloba áreas tradicionalmente distantes, como a tecnologia alimentar, a química analítica, a fitopatologia, a fisiologia, a genética quantitativa e o melhoramento de plantas.

Em resumo, as novas variedades de leguminosas e cereais que podem ser selecionadas por meio do melhoramento genético de precisão, utilizando a tecnologia desenvolvida por nós, serão caracteriza-

das por uma maior resistência a stresses e uma qualidade nutricional superior para o consumo humano. Como resultado, os produtos derivados dessas variedades terão uma maior aceitação e procura por parte dos consumidores, promovendo assim um aumento na produção e sua diversificação.

Desafios futuros

Apesar de os recursos genéticos continuarem a ser a base de qualquer programa de melhoramento de plantas, prevê-se que, num futuro próximo, a aplicação de tecnologias como a NGS, ou a análise de grandes conjuntos de dados e as ferramentas de fenotipagem automática para a caracterização e subsequente exploração da diversidade genética, revolucionem ainda mais as estratégias de melhoramento.

O PlantX continuará a apoiar o melhoramento de precisão através da exploração do potencial do germoplasma nacional como fonte de características interessantes e como base para o desenvolvimento de ferramentas inovadoras para o melhoramento de plantas, contribuindo indiretamente para aumentar a sua produção, a segurança alimentar e a sustentabilidade dos sistemas agrícolas nacionais.

Bibliografia

- Alves ML, Carbas B, Gaspar D, Paulo M, Brites C, Mendes-Moreira P, Brites CM, Malosetti M, van Eeuwijk F, Vaz Patto MC (2019) Genome-wide association study for kernel composition and flour pasting behavior in wholemeal maize flour. *BMC Plant Biol.* 19:123. doi: 10.1186/s12870-019-1729-7
- Alves ML, Bento-Silva A, Carbas B, Gaspar D, Paulo M, Brites C, Mendes-Moreira P, Brites CM, Bronze MR, Malosetti M, van Eeuwijk F, Vaz Patto MC (2020a) Alleles to enhance antioxidant content in maize – a genome-wide association approach. *J. Agric. Food Chem.* 68:4051-4061. doi:10.1021/acs.jafc.9b07190
- Alves ML, Bento-Silva A, Gaspar D, Paulo M, Brites C, Mendes-Moreira P, Bronze MR, Malosetti M, van Eeuwijk F, Vaz Patto MC (2020b) Volatilome-genome-wide association study on wholemeal maize flour. *J. Agric. Food Chem.* 68:7809–7818. doi:10.1021/acs.jafc.0c01273
- Barabaschi D, Tondelli A, Desiderio F, Volante A, Vaccino P, Valè G, Cattivelli L (2016) Next generation breeding. *Plant Sci.* 242:3-13. doi:10.1016/j.plantsci.2015.07.010
- Bentley AR, Chen C, D’Agostino N (2022) Editorial: Genome wide association studies and genomic selection for crop improvement in the era of big data. *Front. Genet.* 13:873060. doi: 10.3389/fgene.2022.873060
- Food and Agriculture Organization of the United Nations (2010) Second Report on the State of the World’s Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Rome: FAO, UK distributor: Stationery Office.
- Leitão ST, Malosetti M, Song Q, van Eeuwijk F, Rubiales D, Vaz Patto MC (2020) Natural variation in Portuguese common bean germplasm reveals new sources of resistance against *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* and resistance-associated candidate genes. *Phytopathology* 110:633-647. doi:10.1094/PHYTO-06-19-0207-R
- Leitão ST, Bicho MC, Pereira P, Paulo MJ, Malosetti M, Araújo SS, van Eeuwijk F, Vaz Patto MC (2021) Common bean SNP alleles and candidate genes affecting photosynthesis under contrasting water regimes. *Hortic. Res.* 8:4. doi:10.1038/s41438-020-00434-6
- Leitão ST, Mendes FA, Rubiales D, Vaz Patto MC (2023a) Oligogenic control of quantitative resistance against powdery mildew revealed in Portuguese common bean germplasm. *Plant Dis.* 107:3113-3122. doi:10.1094/PDIS-02-23-0313-RE
- Leitão ST, Rubiales D, Vaz Patto MC (2023b) Identification of novel sources of partial and incomplete hypersensitive resistance to rust and associated genomic regions in common bean. *BMC Plant Biol.* 23:610. doi:10.1186/s12870-023-04619-8.
- Liu H-J, Yan J (2019) Crop genome-wide association study: A harvest of biological relevance. *Plant J.* 97:8-18. doi:10.1111/tj.14139
- Martins DC, Rubiales D, Vaz Patto MC (2022) Association mapping of *Lathyrus sativus* (L.) disease response to *Uromyces pisi* ([Pers.] D.C.) Wint. reveals novel loci underlying partial resistance. *Front. Plant Sci.* 13:842545. doi:10.3389/fpls.2022.842545

... prevê-se que, num futuro próximo, a aplicação de tecnologias como a NGS [sequenciação de nova geração], ou a análise de grandes conjuntos de dados e as ferramentas de fenotipagem automática para a caracterização e subsequente exploração da diversidade genética, revolucionem ainda mais as estratégias de melhoramento.

- Martins DC, Santos C, Sampaio AM, Rubiales D, Vaz Patto MC (2023) *Lathyrus sativus* resistance against existing and emerging powdery mildews (*Erysiphe pisi* and *Erysiphe trifolii*): A case of commonalities or total discrepancy?. *Phytopathology* 13:866-872. doi:10.1094/PHYTO-06-22-0227-FI
- Mendes F, Leitão S, Correia V, Mecha E, Bronze MR, Vaz Patto MC (2022) Portuguese common bean natural variation helps to clarify the genetic architecture of the legume's nutritional composition and protein quality. *Plants* 11:26. doi:10.3390/plants11010026
- Sampaio AM, Alves ML, Pereira PM, Ehsan V, Santos C, Sato-
vic Z, Rubiales D, Araújo SS, van Eeuwijk F, Vaz Patto
MC (2021) Grass pea natural variation reveals oligoge-
nic resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *pisii*. *Plant
Genome* 2021:e20154. doi:10.1002/tpg2.20154
- Varshney RK, Terauchi R, McCouch SR (2014) Harvesting
the promising fruits of genomics: applying genome
sequencing technologies to crop breeding. *PLoS Biol.*
12:e1001883. doi: 10.1371/journal.pbio.1001883
- Varshney RK, Bohra A, Yu J, Graner A, Zhang Q, Sorrells
ME (2021) Designing future crops: Genomics-assisted
breeding comes of age. *Trends Plant Sci.* 26:631-649.
doi:10.1016/j.tplants.2021.03.010
- Vaz Patto MC, Moreira PM, Carvalho V, Pêgo S (2007) Collec-
ting maize with technological ability for bread produc-
tion in Portugal. *Genet. Resour. Crop Ev.* 54:1555-1563.
doi:10.1007/s10722-006-9168-3
- Voss-Fels KP, Cooper M, Hayes BJ (2019) Accelerating crop
genetic gains with genomic selection. *Theor. Appl. Genet.*
132:669-686. doi:10.1007/s00122-018-3270-8

Biodiversidade dos animais domésticos da Península Ibérica: uma perspetiva genómica*

CATARINA GINJA E CAROLINA BRUNO DE SOUSA

*CIISA, Centro de Investigação Interdisciplinar em Sanidade Animal, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa***

Na Península Ibérica, a biodiversidade das espécies de animais domésticos (e.g. bovinos, ovinos, caprinos, suínos e canídeos) é excecionalmente elevada, com um grande número de raças autóctones bem adaptadas¹. Por exemplo, existem em Portugal 15 raças de bovinos distribuídas por uma grande variedade de ambientes, desde as terras altas do Norte do país às planícies do Alentejo: os seus morfotipos são muito distintos e o seu contributo para a sustentabilidade rural, fertilidade dos solos e diversidade genética, é muito relevante (ver Figura 1). Estas raças desempenharam ao longo do tempo um papel importante no desenvolvimento do efetivo pecuário noutras regiões do globo. Um exemplo paradigmático é o dos animais oriundos da Península Ibérica que deram origem às raças crioulas tendo sido levados para as Américas nos primeiros anos de descoberta e colonização (Rouse 1977). Outro exemplo é o das ovelhas de lã fina, Merino, cuja origem é atribuída aos romanos do sul da Península Ibérica que se pensa terem melhorado a qualidade da sua lã, com possíveis contributos de animais do norte de Marrocos trazidos por berberes Benamerim ou Merí-

nidas (Klein 1920; Forster and Heffner 1954). Atualmente, as raças comerciais de ovinos Merino são criadas na região Sul da Península Ibérica, enquanto as de lã grosseira (Churra) predominam nas zonas Centro e Norte (Figura 1). A associação desta diversidade fenotípica com a variabilidade genética subjacente é agora grandemente facilitada pelo desenvolvimento das tecnologias de sequenciação e dos métodos de análise genómica. A identificação de marcadores genómicos associados à adaptação aos ecossistemas e à resistência a doenças, juntamente com marcadores moleculares para certas características produtivas, poderá ser utilizada no melhoramento animal de forma a garantir uma utilização sustentável e continuada destes recursos genéticos localmente adaptados.

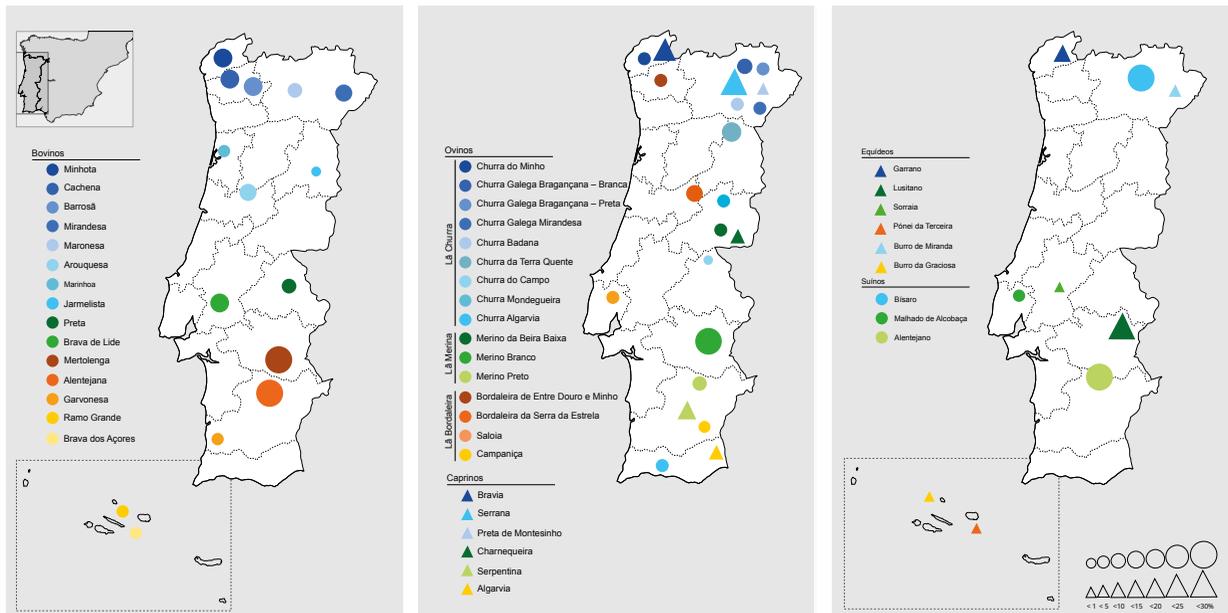
Neste trabalho, tentámos integrar os desenvolvimentos tecnológicos no domínio da Biologia Molecular com o estado da arte no que respeita à caracterização da diversidade genética das espécies de animais domésticos da Península Ibérica, abordando os seguintes aspetos:

* O artigo não foi originalmente escrito ao abrigo do Acordo Ortográfico de 1990. [Nota da equipa editorial, a pedido das autoras]

** <https://ciisa.fmv.ulisboa.pt/>

¹ <https://www.fao.org/dad-is/data/en/>

Figura 1 – Distribuição geográfica e abundância relativa das raças autóctones portuguesas: bovinos, pequenos ruminantes, equídeos, suínos



Fonte: A partir de Efetivos das Raças Autóctones Portuguesas de 2021, divulgado pela Direção-Geral de Alimentação e Veterinária (DGAV)², exceto para Sorraia, Pônei da Terceira e Burro da Graciosa, para os quais os dados reportam a 2019³.

1. Caracterização e proteção da biodiversidade dos animais domésticos
2. Investigação dos processos de domesticação animal e diferenciação de raças
3. Estudo do impacto e da resistência às alterações climáticas

1. Caracterização e proteção da biodiversidade dos animais domésticos

O objetivo da Conferência Final do programa de Recursos Genómicos da *European Science Foundation* (ESF-Science Connect), realizada em 2014 na Universidade de Cardiff, que contou com a participação de cientistas e decisores políticos do Sul e Leste Asiático, da América do Norte, da Europa e de África, era identificar diversas questões prementes para uma agenda de investigação e políticas de conservação dos Recursos Genéticos dos Animais Domésticos (FAnGR, do inglês *Farm Animal Genetic Resources*) para a década seguinte (Bruford et al. 2015). Con-

cluiu-se que o sector pecuário precisava de fazer um esforço concertado para assegurar a democratização das ferramentas genómicas disponíveis e a sua aplicação no contexto da conservação das raças autóctones e do desenvolvimento sustentável (Bruford et al. 2015). Uma década depois, continua a existir um grande fosso entre o atual estado da arte relativo às tecnologias disponíveis para caracterizar os recursos genómicos e a sua aplicação a muitas raças autóctones não comerciais, dificultando a utilização consistente de informação genética e genómica como indicadores de perda de biodiversidade.

Um consórcio ibero-americano, estabelecido no âmbito da rede Conbiand⁴, permitiu aos investigadores realizarem um dos estudos genéticos mais abrangentes de gado bovino a nível mundial, em que foram utilizados marcadores mitocondriais, do cromossoma Y e microssatélites autossómicos (STRs, do inglês *Short Tandem Repeats*) revelando que as raças Ibéricas possuem elevada diversidade genética e que deixaram a sua assinatura nas popu-

² <https://www.dgav.pt/wp-content/uploads/2021/11/Efectivo-adulto-autoctone-Grandes-numeros.pdf>

³ <https://www.dgav.pt/wp-content/uploads/2021/04/Catalogo-Oficial-Racas-Autoctones-Portuguesas.pdf>

⁴ https://conbiand.site/?page_id=518

lações crioulas atuais (Ginja et al. 2020). Este estudo estabeleceu as bases para um possível programa de âmbito continental para a caracterização, a conservação e o reconhecimento das raças bovinas ibero-americanas, sendo ainda necessárias análises genómicas desse património. A caracterização genómica é fundamental para compreendermos os processos demográficos e de diferenciação histórica destas raças responsáveis pelos padrões de diversidade observados. Por exemplo, uma primeira análise de genomas de oito raças de bovinos Ibéricos autóctones revelou uma forte influência de raças taurinas africanas, incluindo a partilha de haplótipos de ADN mitocondrial (mtDNA) e do cromossoma Y de diversas origens (Da Fonseca et al. 2019). Curiosamente, neste estudo foi detetada uma diferenciação muito baixa do cromossoma X em relação aos autossomas em todas as raças taurinas analisadas, o que poderá ser resultado de um fluxo genético maioritariamente mediado por touros. Na espécie bovina, os processos de cruzamento e de diferenciação histórica foram complexos e resultaram em níveis de diversidade genómica inesperadamente elevados em raças autóctones de distribuição geográfica relativamente limitada. Nos países mediterrânicos, é provável que isto esteja associado às práticas tradicionais de seleção e comercialização animal, no entanto está ainda por esclarecer em que medida isso também se aplica a outras espécies de animais domésticos deste território. No que respeita às ovelhas autóctones de tipo Merino e Bordaleiras (lã intermédia), um dos primeiros estudos genómicos indica que estas raças não estão geneticamente comprometidas, no sentido em que apresentam moderada diversidade e baixa consanguinidade (Gaspar et al. 2023). A análise da estrutura genética revelou ainda que as ovelhas Merino Ibéricas formam um grupo bem diferenciado, o que é consistente com os registos históricos da sua origem local.

Os estudos genómicos permitem identificar polimorfismos de uma única base nucleotídica (SNP, do inglês *Single Nucleotide Polymorphism*) que são úteis para inferências sobre a ancestralidade das diversas raças de animais domésticos, bem como para análises de cruzamentos entre raças específicas. Estes estudos constituem uma ferramenta essencial para proceder

à rastreabilidade de produtos de qualidade certificados com denominação de origem, mas também para análises de associação genómica entre variabilidade genética e diversidade fenotípica (GWAS, do inglês *Genome Wide Association Studies*). Revela-se assim fundamental apoiar uma investigação multidisciplinar e colaborativa, que envolva investigadores, agências governamentais e a sociedade civil (por exemplo, associações de criadores), para uma utilização sustentável e continuada do património genético e cultural associado às raças autóctones de animais domésticos, de forma a promover a utilização de ferramentas de biologia molecular e bioinformática adequadas à gestão e caracterização da biodiversidade que lhes é inerente.

O desenvolvimento das tecnologias de sequenciação genómica (HTS, do inglês *high-throughput sequencing*) revolucionou o campo da genética de populações/melhoramento genético animal, permitindo que os processos evolutivos sejam estudados com uma resolução sem precedentes e a sua utilização cada vez mais generalizada para fazer face aos desafios climáticos. No entanto, para muitas raças autóctones ibéricas estes dados ainda não existem, pelo que é necessário implementar atividades de formação e de divulgação científica para sensibilizar as autoridades (e.g., Direção-Geral de Alimentação e Veterinária – DGAV), associações de criadores, entre outros, para a utilidade de obter este tipo de informação.

A recolha de dados de sequenciação genómica à escala populacional para as raças ibéricas poderá ajudar a ultrapassar as limitações inerentes à utilização de marcadores moleculares clássicos (e.g., STR autossómicos “neutros”), nomeadamente na identificação e genotipagem de variantes estruturais eventualmente associadas a características fenotípicas de interesse como sejam as que estão envolvidas na resposta ambiental, imunitária e de resistência a doenças. É possível complementar dados de sequenciação de fragmentos curtos (*short-reads*) e longos (*long-reads*), de menor e maior custo por amostra, respetivamente, de forma a rentabilizar estas tecnologias. Podemos, por exemplo, utilizar genomas de alta qualidade como referência para as

raças autóctones, sequenciar um maior número de animais com baixa cobertura, recorrer a imputação para preencher a informação em falta e fazer análises de estrutura e conservação ao nível da população a um custo inferior (ver caixa de texto).

A análise de genomas de alta qualidade em animais representativos das raças autóctones pode contribuir significativamente para evitar o enviesamento inerente ao mapeamento das sequências tendo como referência genomas de raças comerciais transfronteiriças e assim caracterizar com maior precisão (evitando a omissão de alelos alternativos ou a classificação de sítios heterozigóticos como homozigóticos para o alelo de referência) a diversidade genética dessas raças locais altamente diferenciadas. Por exemplo, foi recentemente demonstrado que um “pangenoma” constituído por apenas cinco genomas de bovinos de quatro raças contemporâneas e de um iaque revelou mais de 70 milhões de bases que não estavam incluídas no genoma de referência do *Bos taurus* (Crysnanto et al. 2021). A utilização de métodos complementares de genómica e transcricómica deverá possibilitar a identificação de genes expressos diferencialmente, bem como de milhares de variantes que não estão presentes no genoma de referência de cada espécie. Esta é, a nosso ver, uma ótima oportunidade para desenvolver projetos de investigação interdisciplinar entre laboratórios ibéricos para obter estes genomas, identificar os métodos mais adequados para analisar os dados de sequenciação genómica e ultrapassar as limitações computacionais que lhes estão inerentes de modo a atingir esses objetivos.

Estudos centrados em questões relacionadas com a diversidade e a diferenciação genética de raças, ou a sua diversificação, forneceram dados fundamentais para a compreensão destes processos extremamente complexos. No entanto, a possibilidade de integrar métodos de modelação da estrutura populacional que possam melhorar a nossa compreensão dos processos evolutivos que levaram à diversificação

observada é provavelmente um dos maiores desafios que os geneticistas populacionais enfrentam (Ajmone-Marsan et al. 2023). A combinação de dados genómicos (descritivos) obtidos para as várias espécies de animais domésticos com abordagens inferenciais/métodos de análise probabilísticos deverá abrir perspetivas de investigação inovadoras e originais.

2. Investigação dos processos de domesticação animal e diferenciação de raças

A caracterização da biodiversidade através de abordagens inovadoras como as descritas acima permitir-nos-á compreender melhor os processos de domesticação e diversificação das raças. A elevada biodiversidade observada nos animais domésticos da Península Ibérica pode resultar de processos de domesticação secundária e/ou da elevada introgressão de ancestrais selvagens, também estes muito diversos neste território. Compreender a adaptação passada às condições locais e os modos de melhoramento dos animais domésticos também nos poderá ajudar a avaliar a forma como a biodiversidade se poderá adaptar a condições futuras (ver ponto 3).

A origem complexa das raças primitivas ibéricas reflete-se na sua elevada diversidade genética relativamente às suas congéneres europeias, apesar da grande distância geográfica deste território em relação ao presumível centro de domesticação no Próximo-Oriente. Por esta razão, o efetivo ibérico constitui um excelente exemplo para investigar o impacto genómico dos intrincados processos de diversificação e miscigenação que decorreram nos últimos 200 anos de formação das várias raças. As abordagens filocronológicas multidisciplinares – incorporando zooarqueologia e genómica – permitem-nos captar a variação genómica ancestral e desvendar as origens, as trajetórias evolutivas e os modos de melhoramento dos animais domésticos da Península Ibérica^{5,6,7}. A coevolução de várias espécies (e.g., bovinos, ovinos e caprinos) está a ser analisada para

⁵ <http://archaic.campus.ciencias.ulisboa.pt/>

⁶ <https://aries.at.biopolis.pt/>

⁷ <https://woofproject.wordpress.com/>

estudar de forma abrangente os processos demográficos e investigar as alterações de características hereditárias (e.g. seleção) que ocorreram depois da sua domesticação. Não sabemos ainda se a elevada diversidade genética destas raças periféricas e bem adaptadas resulta de processos de hibridação com contributos de espécies ancestrais selvagens. De facto, análises recentes de genomas autossómicos e mitogenomas obtidos para quatro espécimes arqueológicos de gado bovino doméstico da Idade do Ferro (~2 800 AP-2 000 AP) oriundos do Magrebe Oriental (i.e., Altiburos, El Kef, Tunísia), corroboram a introgressão de fêmeas de auroques no efetivo doméstico (Ginja et al. 2023). Estes novos dados dos genomas de animais da Idade do Ferro do Nordeste do Magrebe reabrem a discussão sobre se terá ocorrido um terceiro evento de domesticação de bovinos no Norte de África, ou se processos de hibridação pós-domesticação podem explicar os padrões de diversidade genética observados. A diferenciação genética das raças taurinas da África Ocidental, como a N'Dama (chifres longos, *longhorn*) ou a Muturu (chifres curtos, *shorthorn*), poderá resultar de contributos de duas populações distintas de auroques locais. É necessário reunir dados arqueogenómicos diacrónicos de bovinos do Norte de África e do Sul da Europa para podermos modelar e tentar reconstruir os processos demográficos subjacentes à diferenciação destas raças. A resposta a questões relativas ao processo de domesticação requer o desenvolvimento de métodos e de fundamentação teórica que permitam integrar nas nossas análises a estrutura populacional ancestral.

3. Estudo do impacto e da resistência às alterações climáticas

Compreender a adaptação ao calor e à seca de animais de produção pressupõe dar resposta a uma questão fundamental relativa à forma como a variabilidade genómica contribui para a fenotípica. Um dos desafios mais prementes do melhoramento genético animal tem sido a determinação dos fatores genéticos subjacentes a características fenotípicas multifatoriais. Na pecuária, a identificação de *loci* associados a características quantitativas (QTL, do inglês *Quantitative Trait Loci*) constitui uma abordagem

importante e amplamente utilizada em programas de melhoramento de raças comerciais. No entanto, a identificação dos genes dos processos metabólicos subjacentes a estes milhares de QTL revelou-se extremamente difícil (Andersson and Purugganan 2022).

O estudo de populações de animais domésticos de regiões biogeográficas distintas, para as quais estão disponíveis informações ambientais e fenótipos para várias características de interesse (ver caixa de texto), tem um enorme potencial para melhorar o poder das análises genómicas na deteção de variabilidade genética associada à adaptação. Estas características incluem a resistência a doenças e a tolerância ao calor e à escassez de água e alimentos observadas nas raças tradicionais/autóctones de diversas regiões. As abordagens bioinformáticas e de modelação já mencionadas e validadas para diferentes organismos deverão permitir: i) identificar genes/regiões do genoma sob seleção (i.e., *selective sweeps*) para determinadas características; ii) captar interações genoma-ambiente intra- e inter-racial; iii) fornecer informação científica sobre a evolução, adaptação e seleção das espécies de animais domésticos, tendo em vista a conservação de raças autóctones extremamente diversas e resilientes da Península Ibérica.

A identificação de variantes genéticas associadas a processos de adaptação e seleção pode contribuir para a gestão sustentável da biodiversidade, que será essencial para lidar com o impacto das alterações climáticas em curso. Os genes das regiões do genoma sob seleção associadas à adaptação a determinados ambientes poderão ser caracterizados e as variantes genéticas respetivas assim identificadas utilizadas em programas de melhoramento animal, como por exemplo nas raças comerciais transfronteiriças com pouca diversidade genética, mais exigentes em termos produtivos e com menor capacidade de adaptação a alterações ambientais. Os resultados relativos a características relacionadas com a saúde têm o potencial de contribuir para uma redução dos principais surtos de zoonoses. A identificação de variantes nocivas (i.e., deletérias), em particular as potencialmente letais, poderá permitir a sua remoção das populações de forma controlada para evitar, por exemplo, aumento da consanguinidade, o que deverá

resultar em animais/efetivos mais viáveis e contribuir para uma diminuição da pobreza nas zonas rurais.

Considerações finais

A associação da diversidade fenotípica com a variabilidade genética subjacente é agora grandemente facilitada pelo desenvolvimento das tecnologias de sequenciação e dos métodos de análise genómica. A combinação de dados genómicos obtidos para as várias espécies de animais domésticos, e em particular para as raças autóctones, com abordagens inferenciais/métodos de análise probabilísticos deverá abrir perspectivas de investigação inovadoras e originais. Esta é, a nosso ver, uma ótima oportunidade para desenvolver projetos de investigação interdisciplinar entre laboratórios ibéricos para obter estes genomas, identificar os métodos mais adequados para analisar os dados de sequenciação genómica e ultrapassar as limitações computacionais que lhes estão inerentes, de forma a garantir uma utilização sustentável e continuada dos recursos genéticos de animais domésticos localmente adaptados.

Exemplo de um projeto integrado de utilização de ferramentas genómicas

OPTIBOV: Caracterização genética de populações de bovinos para um desempenho otimizado nos ecossistemas africanos

O OPTIBOV⁸ é um projeto ERA-Net Cofund aprovado no âmbito do programa LEAP-Agri^{9,10}, uma iniciativa conjunta Europa-África de Investigação e Inovação no domínio da Segurança Alimentar e Nutricional e da Agricultura Sustentável. O projeto teve início em setembro de 2018 e terminou em agosto de 2022, mas o vasto conjunto de dados recolhido terá impacto na investigação da equipa a longo prazo. Estão a ser desenvolvidos estudos de associação genómica com base em fenótipos bem definidos em condições locais. O que torna o OPTIBOV único e inovador é o facto de estes fenótipos terem sido recolhidos a partir de ecótipos específicos, em condições locais, em vários países e continentes, com os seus próprios fatores de *stress*. A ideia principal subjacente ao projeto foi gerar estes dados ao longo de um transecto Norte-Sul através da amostragem de raças bovinas na Finlândia, nos Países Baixos, em Portugal, no Egito, no Uganda e na África do Sul. No total, foram amostrados cerca de 500 animais de 26 raças autóctones e a raça comercial Holstein-Frísia comum a todos estes países. Está a ser utilizada uma combinação de dados de sequenciação genó-

mica, expressão génica, do microbioma e informação fenotípica para identificar biomarcadores de características de adaptação, resiliência e resistência a doenças.

O projeto centrou-se nos pequenos agricultores e no conhecimento destes criadores locais. Foram estabelecidos contactos e reuniões com associações de criadores para identificar os interessados em participar e preparar a partilha de materiais e dados entre os parceiros do OPTIBOV de acordo com o Protocolo de Nagoya. Foram organizadas reuniões do projeto na África do Sul, no Uganda e no Egito para promover a formação dos agricultores, jovens cientistas, promotores rurais e associações de criadores relativamente aos protocolos de recolha de amostras e fenótipos, bem como à análise de dados. A equipa portuguesa elaborou folhetos em várias línguas, com contributos de todos os parceiros, para anunciar e divulgar o projeto. A Universidade de Wageningen, nos Países Baixos, mantém um banco centralizado de duplicados das amostras recolhidas durante o OPTIBOV. Em Portugal, constituiu-se um banco de amostras para as três raças autóctones incluídas neste projeto – Barrosã, Mirandesa e Mertolenga (para além do banco de amostras já estabelecido pela nossa equipa para a grande maioria das raças bovinas autóctones portuguesas, bem como canídeos e algumas raças ovinas).

Desenvolveram-se e testaram-se métodos bioinformáticos que estão a ser utilizados para as análises de dados. Estão, também, a ser construídos genomas de referência com base em fragmentos de sequenciação longa (*long reads*) para as 26 raças autóctones, o que constitui um conjunto de dados único para a identificação de biomarcadores associados a adaptação. Pretende-se analisar o potencial de melhoramento do desempenho produtivo, mantendo a biodiversidade e considerando os fenótipos adaptativos. Estão ainda em curso análises dos perfis de expressão génica ao nível do sangue num conjunto de animais de cada raça, com o objetivo de avaliar o seu estado imunitário. A análise do microbioma das amostras fecais destes animais permitirá tirar conclusões sobre o seu estado de saúde, mas também fornecerá informações sobre as emissões de gases com efeito de estufa nos vários ecossistemas. Os resultados da nossa investigação podem ser comunicados aos decisores políticos através de relatórios técnicos, tal como aconteceu no que respeita às orientações técnicas¹¹ publicadas em 2023 pela Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO), com o contributo de vários investigadores do projeto OPTIBOV.

Agradecimentos

As autoras agradecem às associações de criadores e aos produtores pela sua colaboração ao longo dos anos. Agradecemos, também, aos colegas Lounès Chikhi, Gabriel Marais e Raquel Tavares pelos proveitosos debates sobre biologia evolutiva e genética de

⁸ <https://subsites.wur.nl/en/optibov-project.htm>

⁹ <https://cordis.europa.eu/project/id/727715>

¹⁰ https://leap-agri.com/?page_id=291

¹¹ <https://doi.org/10.4060/cc3079en>

populações e pela sua leitura atenta do manuscrito. Reconhecemos ainda, agradecidas, o financiamento da nossa investigação pelas seguintes entidades: Fundação para a Ciência e a Tecnologia (FCT), Portugal, projecto ARIES (referência: <https://doi.org/10.54499/2022.04843.PTDC>); Programa Ibero-americano de Ciência e Tecnologia para o Desenvolvimento (CYTED), através da rede REZGEN-IBA, Red iberoamericana sobre los recursos zoogenómicos y su resiliencia (referência: https://www.cyted.org/web_redes.php?id_rede=511); e programa LEAP-Agri, projeto OPTIBOV (referência: https://leap-agri.com/?page_id=291).

Glossário^{12,13}

Cruzamento/Miscigenação: ocorre quando indivíduos de duas ou mais populações anteriormente isoladas se cruzam.

Autossomas: pares de cromossomas numerados em função do seu tamanho, por oposição aos cromossomas sexuais designados por letras.

Fluxo genético: qualquer movimento de material genético de uma população para outra (e.g., por migração); é uma fonte importante de variação genética.

Deriva genética: mecanismo de evolução caracterizado por flutuações aleatórias na frequência de uma determinada versão de um gene (alelo) numa população.

Genoma: toda a informação genética que um organismo contém. Um genoma de referência é utilizado para mapeamento dos fragmentos de sequenciação e identificação da posição exata das bases nucleotídicas.

Cobertura do genoma: número médio de bases nucleotídicas que se alinham com, ou “cobrem”, bases cuja posição exata no genoma de referência é conhecida. Quando a cobertura é elevada, cada base está confirmada por um maior número de fragmentos de sequenciação alinhados nessa região do genoma de referência, pelo que há um maior grau de confiança de que essa leitura esteja correta.

Estudo de Associação Genómica: abreviado para GWAS (do inglês *Genome Wide Association Study*), é uma abordagem de investigação utilizada para identificar variantes genómicas que estão estatisticamente associadas a uma característica fenotípica específica ou ao risco de contrair uma determinada doença.

Genotipagem: um genótipo é um registo do tipo de variante presente numa determinada posição (i.e., um *locus*) no genoma.

Haplótipo: conjunto de variantes genómicas (ou polimorfismos) que estão fisicamente próximas pelo que tendem a ser herdadas em conjunto.

Consanguinidade: resulta do cruzamento entre indivíduos aparentados, definido como um padrão de cruzamento em que os progenitores são mais relacionados entre si do que dois indivíduos selecionados ao acaso na população.

Introgressão: transferência de material genético de uma espécie para outra através da hibridação, por exemplo, de espécies selvagens ancestrais para espécies domésticas derivadas (ou vice-versa) que coexistam no mesmo território.

Microbioma: comunidade de microrganismos (e.g., fungos, bactérias e vírus) que existe num determinado ambiente.

Microssatélite: abreviado para STR (do inglês, *Short Tandem Repeat*), é um segmento curto de ADN, geralmente com um a seis ou mais pares de bases de comprimento, que se repete em tandem numa determinada localização genómica.

ADN mitocondrial/mitogenoma: cromossoma circular que se encontra no interior dos organelos celulares chamados mitocôndrias, localizados no citoplasma, herdados da progenitora.

Pangenoma: coleção de sequências genómicas de referência provenientes de vários indivíduos que, em conjunto, captam uma diversidade populacional significativamente maior do que um único genoma de referência.

Filocronologia: estudo das populações no espaço e no tempo, utilizando métodos filogenéticos e de genética populacional.

Loci associados a características quantitativas: abreviado QTL (do inglês *Quantitative Trait Loci*) regiões do genoma que influenciam a variação fenotípica de uma característica complexa, frequentemente através de interações genéticas entre si e com o ambiente.

Recombinação: processo em que pares de cromossomas trocam ADN entre si durante a formação dos gametas, constituindo assim uma fonte de variação genética.

Bibliografia

Ajmone-Marsan, Paolo, Paul J. Boettcher, Licia Colli, Catarina Ginja, Juha Kantanen, and Johannes A. Lenstra, eds. 2023. *Genomic Characterization of Animal Genetic Resources*.

¹² <https://www.genome.gov/genetics-glossary>

¹³ <https://evolution.berkeley.edu/glossary/>

- ces. *Genomic Characterization of Animal Genetic Resources*. Rome: FAO. <https://doi.org/10.4060/cc3079en>.
- Andersson, Leif, and Michael Purugganan. 2022. "Molecular Genetic Variation of Animals and Plants under Domestication." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 119 (30). <https://doi.org/10.1073/pnas.2122150119>.
- Bruford, M W, C Ginja, I Hoffmann, S Joost, P Orozco-terWengel, F J Alberto, A J Amaral, et al. 2015. "Prospects and Challenges for the Conservation of Farm Animal Genomic Resources, 2015-2025." *Frontiers in Genetics* 6. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00314>.
- Crysnanto, Danang, Alexander S. Leonard, Zih-Hua Fang, and Hubert Pausch. 2021. "Novel Functional Sequences Uncovered through a Bovine Multiassembly Graph." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 118 (20). <https://doi.org/10.1073/pnas.2101056118>.
- Fonseca, Rute R. Da, Irene Ureña, Sandra Afonso, Ana Elisabete Pires, Emil Jørsboe, Lounès Chikhi, and Catarina Ginja. 2019. "Consequences of Breed Formation on Patterns of Genomic Diversity and Differentiation: The Case of Highly Diverse Peripheral Iberian Cattle." *BMC Genomics* 20 (1): 334. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5685-2>.
- Forster, E. S., and Edward H. Heffner. 1954. *Columella. On Agriculture, Volume II: Books 5-9*. Cambridge, MA, USA: Harvard University Press. <https://www.loebclassics.com/view/LCL407/1954/volume.xml>.
- Gaspar, Daniel, Ana Usié, Célia Leão, Sílvia Guimarães, Ana Elisabete Pires, Claudino Matos, António Marcos Ramos, and Catarina Ginja. 2023. "Genome-Wide Assessment of the Population Structure and Genetic Diversity of Four Portuguese Native Sheep Breeds." *Frontiers in Genetics* 14 (January). <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1109490>.
- Ginja, C., L.T. Gama, O. Cortés, I.M. Burriel, J.L. Vega-Pla, C. Penedo, P. Sponenberg, et al. 2020. "Author Correction: The Genetic Ancestry of American Creole Cattle Inferred from Uniparental and Autosomal Genetic Markers (Scientific Reports, (2019), 9, 1, (11486), 10.1038/S41598-019-47636-0)." *Scientific Reports* 10 (1). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-73066-4>.
- Ginja, Catarina, Silvia Guimarães, Rute R. da Fonseca, Rita Rasteiro, Ricardo Rodríguez-Varela, Luciana G. Simões, Cindy Sarmento, et al. 2023. "Iron Age Genomic Data from Althiburos – Tunisia Renew the Debate on the Origins of African Taurine Cattle." *iScience* 26 (7). <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107196>.
- Klein, Julius. 1920. *The Mesta: A Study in Spanish Economic History, 1273-1836*. Cambridge, MA, USA: Harvard University Press. <https://archive.org/details/mestastudyinspan00kleiuoft/mestastudyinspan00kleiuoft>.
- Rouse, J E. 1977. *The Criollo: Spanish Cattle in the Americas*. U.S.A.: NORMAN, University of Oklahoma Press.

Biodiversity of Iberian farm animal genetic resources: a genomics perspective

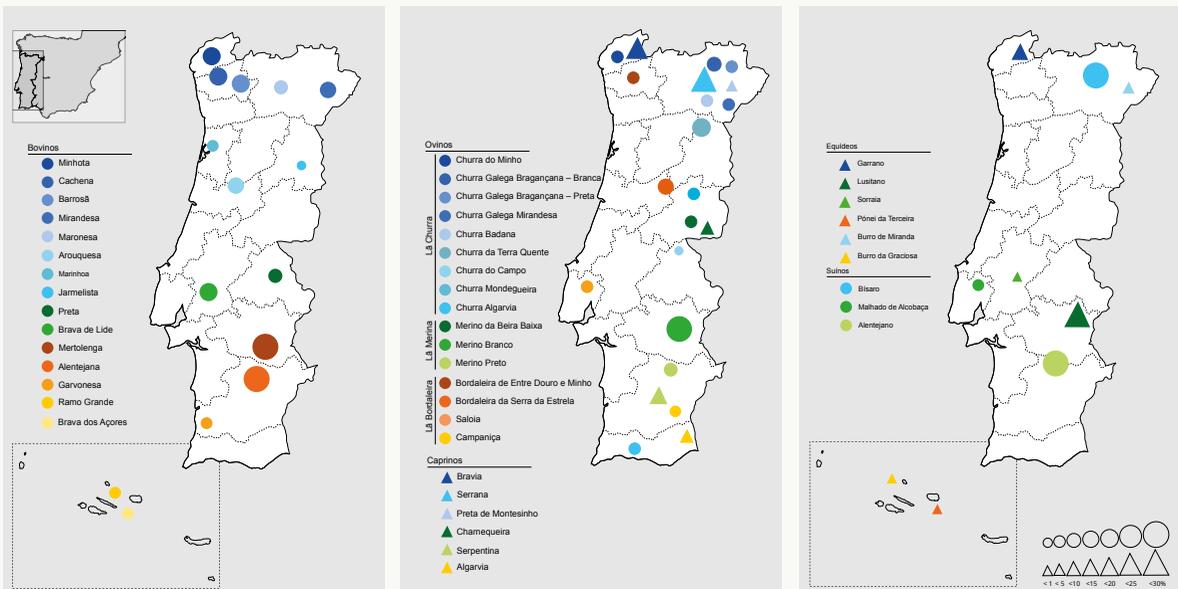
CATARINA GINJA AND CAROLINA BRUNO DE SOUSA

CIISA, Centro de Investigação Interdisciplinar em Sanidade Animal, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa*

In the Iberian Peninsula, the biodiversity of domesticated animal species (e.g., cattle, sheep, goats, pigs and dogs) is exceptionally high with a large number of well-adapted native breeds¹. For example, in Portugal there are 15 cattle breeds raised in a wide variety of environments, ranging from the highlands in the north of the country to the flatlands of Alentejo, their morphotypes are quite distinct and their contribution to the rural sustainability and soil fertility is extremely important (see Figure 1). These breeds played a role in the development of livestock populations in other regions, a paradigmatic example being the animals imported to the Americas in the early years of discovery and coloni-

zation to originate Creole breeds (Rouse 1977). Another example is the fine-wool Merino sheep whose origin is attributed to the Romans in the southern Iberian Peninsula, who are thought to have improved the quality of their wool with possible contributions of animals brought by Beni Merin Berbers from northern Morocco (Klein 1920; Forster and Hefner 1954). Today, the commercial fine-wool sheep breeds, the Merino, are reared in the southern region of the Iberian Peninsula whereas coarse-wool (“Churra”) sheep prevail in the central and northern areas (Figure 1). The identification of genomic markers which are associated with adaptation to ecosystems and disease resistance, together with molecular

Figure 1 – Geographical distribution and relative abundance of Portuguese native breeds: cattle, small ruminants, equids and pigs



Source: Based on Portuguese autochthonous breed census from 2021, published by the Food and Veterinary Services of the Ministry of Agriculture (DGAV)², except for Sorraia, Pônei da Terceira and Burro da Graciosa for which the data report to 2019³.

* <https://ciisa.fmv.ulisboa.pt/>

¹ <https://www.fao.org/dad-is/data/en/>

² <https://www.dgav.pt/wp-content/uploads/2021/11/Efectivo-adulto-autoctone-Grandes-numeros.pdf>

³ <https://www.dgav.pt/wp-content/uploads/2021/04/Catalogo-Oficial-Racas-Autoctones-Portuguesas.pdf>

markers for production traits, can be used for breeding in the future and for the continued sustainable utilisation of these locally adapted farm animal genetic resources, by monitoring crossbreeding or breed replacement.

Here, we will try to integrate the most recent technological developments with the state-of-the-art regarding the characterization of local farm animal genetic diversity by elaborating on the following aspects:

1. Characterising and protecting farm animals' biodiversity
2. Investigating the domestication and breed differentiation processes
3. Studying the impact and resilience to climate change

1. Characterising and protecting farm animals' biodiversity

The aim of the Final Conference of the European Science Foundation's Genomic Resources program (ESF-Science Connect), held in 2014 at Cardiff University and which involved scientists and policy-makers, from South and East Asia, North America, Europe and Africa, was to identify a series of pressing questions for a research and policy agenda for Farm Animal Genetic Resources (FAnGR) conservation for the following decade (Bruford et al. 2015). The overall conclusion was that the livestock sector needed to make a concerted effort to enable the democratisation of the genomic tools available, to ensure they are applied in the context of breed conservation and sustainable development (Bruford et al. 2015). A decade later, there is still a large gap between the current state-of-the-art in the use of tools to characterise genomic resources and its application to many non-commercial and local breeds, hampering the consistent utilisation of genetic and genomic data as indicators of genetic erosion (*i.e.*, loss of genetic diversity).

An Ibero-American consortium, established in the framework of the Conbiand network⁴, allowed researchers to carry out one of the most comprehensive genetic studies of worldwide cattle using mitochondrial, Y-chromosome and autosomal microsatellite (STRs, short tandem repeats) markers, showing that Iberian breeds hold high genetic diversity for all markers and left their signature in current Creole populations (Ginja et al. 2020). While this study established the foundations of a continent-wide program for the characterization, conservation and recognition of Ibero-American FAnGR, genomic analyses of such patrimony are still lacking. Whole genome data is key to understanding the consequences of historic breed formation and the putative role of admixture events in the

observed diversity patterns. For example, a pivotal analysis of low coverage genomes of eight Iberian native cattle breeds showed that they display significant gene flow or admixture from African taurine cattle and include mtDNA and Y-chromosome haplotypes from multiple origins (Da Fonseca et al. 2019). Interestingly, a very low differentiation of chromosome X relative to autosomes was detected within all analysed taurine breeds, potentially reflecting male-biased gene flow. In cattle, an overall complex history of admixture resulted in unexpectedly high levels of genomic diversity for breeds with seemingly limited geographic ranges. This is likely to result from a combination of trading traditions and breeding practices in Mediterranean countries, however the extent to which this also applies to other domesticated animal species in this territory remains unclear. For instance, the first genomic study of Portuguese native sheep of Merino and intermediate wool-type suggested that these breeds are not genetically compromised, in the sense that they showed moderate diversity and negligible inbreeding (Gaspar et al. 2023). Consistently with historical records, it depicted the Iberian Merino sheep as a well differentiated breed group. Genomic studies set the ground for defining ancestry informative SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) for breed-specific admixture analysis, *i.e.*, a powerful tool for breed assignment and traceability of certified breed-products, but also for genome-wide association studies. Supporting further multidisciplinary collaborative research, involving researchers, governmental agencies, and stakeholders (*e.g.*, Breeder Associations), should provide an excellent framework for the continued sustainable use of local FAnGR by employing up-to-date molecular biology and bioinformatics tools to characterise and manage biodiversity.

The development of high-throughput sequencing revolutionized the field of population genetics/animal breeding and genetics, allowing for evolutionary processes to be addressed at unprecedented resolution, and will increasingly be used to be able to cope with climatic challenges. However, these data are still lacking for many native Iberian breeds, thus there is the need to increase awareness of local authorities (*e.g.*, Food and Veterinary Services of the Ministry of Agriculture, DGAV) and stakeholders (Breed Associations) for the utility of generating such data, implement training and science outreach activities to reach large audiences.

Contributing population-scale whole-genome sequencing data for Iberian breeds, can help overcome the limitations of classic molecular markers (*e.g.*, "neutral" autosomal STRs) for example for the discovery and genotyping of structural variants. In addition, complementing long- and short-read sequencing data allows us to screen a larger number of animals per breed using low-coverage shotgun sequences and

⁴ https://conbiand.site/?page_id=518

imputation to carry out population structure and conservation analyses at a lower cost (see text box).

More importantly, generating high-quality genome assemblies for animals' representative of native breeds will contribute significantly to avoid reference-allele bias, and allow for a better genetic characterization of more diverse and highly differentiated breeds from that of the reference genome (*i.e.*, commercial breeds). For instance, it has recently been shown that a “pangenome” obtained from only five cattle (four breeds) and one yak genomes revealed more than 70 million bases that were not included in the *Bos taurus* reference genome (Crysnanto et al. 2021). Using complementary genomics and transcriptomics methods it should be possible to discover genes from non-reference sequences that are differentially expressed and thousands of variants that are not present in the reference genome. In our opinion, there is now great opportunity to develop interdisciplinary research among laboratories in the Iberian Peninsula to generate these genomes, identify the most appropriate methods to analyse the data and overcome the computational limitations to achieve these goals.

Studies focused on questions related to breed genetic diversity and differentiation, or breed diversification, contributed key data for understanding these complex processes. However, integrating models of population structure to improve our understanding of the evolutionary processes that led to the diversification observed today is probably one of the greatest challenges facing population geneticists (Ajmone-Marsan et al. 2023). Combining the genomic data produced on several domesticated species with inferential approaches should provide very interesting and original avenues of research.

2. Investigating the domestication and breed differentiation processes

Characterising agrobiodiversity using innovative approaches as described above will allow us to understand the processes of domestication and of breed diversification. The high biodiversity observed in domestic animals from the Iberian Peninsula can result from secondary domestication events and/or high introgression from wild ancestors also very diverse in this territory. Understanding past adaptation to the local conditions and the modes of improvement of domesticated animals will also help us assess how biodiversity could adapt to future conditions (see section 3).

The complex origin of Iberian primitive breeds is reflected in their high genetic diversity relative to that of their European counterparts, despite the large geographic distance of this territory from the presumed Near-Eastern domestication center. This renders Iberian livestock a great example for investigating the genomic impact of the intricate processes of diversification regarding the last 200 years of specific breed formation and earlier admixture events. Multidisciplinary phylogenetic approaches – merging zooarchaeology and genomics – are allowing us to capture ancestral genomic variation and to unveil origins, evolutionary trajectories and modes of improvement of Iberian livestock^{5,6,7}. The co-evolution of several species (*e.g.*, cattle, sheep and goats) is under analysis to cover a wide range of demographic processes and investigate post-domestication changes in inheritable traits (*i.e.*, selection). It is not clear whether the high genetic diversity of well-adapted peripheral breeds derives from hybridization processes with contributions from wild ancestral species. Indeed, recently published analyses of autosomal genomes and mitogenomes obtained for four archaeological specimens of Iron Age (~2,800 cal BP–2,000 cal BP) domestic cattle from the Eastern Maghreb (*i.e.*, Althiburos, El Kef, Tunisia), corroborate the introgression of aurochs females into the domestic stock (Ginja et al. 2023). These first genome-wide data of Iron Age cattle from the North-Eastern Maghreb re-open the discussion on whether there was a third domestication event of cattle in north Africa or if post-domestication hybridisation could explain the patterns of genetic variation detected. The greater genetic differentiation of West African taurine breeds such as N'Dama (longhorns) or Muturu (short-horns) may well derive from contributions of two distinct local aurochs populations. Diachronic archaeogenomics data from livestock across North Africa and Southern Europe are still lacking. Such information is needed to employ modelling approaches to reconstruct the demographic processes underlying breed differentiation. Answering these questions regarding the domestication process requires the development of methods and theoretical frameworks that integrate ancient population structure.

3. Studying the impact and resilience to climate change

Identifying variants of adaptation to heat and drought in farm animals demands answering a key question on how genomic variation contributes to that of the phenotypes. One of the most compelling challenges of animal breeding and genetics has been to determine the genetic factors underlying com-

⁵ <http://archaic.campus.ciencias.ulisboa.pt/>

⁶ <https://aries.at.biopolis.pt/>

⁷ <https://woofproject.wordpress.com/>

plex multifactorial traits. An important approach extensively applied in livestock species has been the identification of quantitative trait loci (QTL). Although numerous studies have contributed to a collection of thousands of QTL, identification of the actual genes underlying these QTL has proven to be extremely difficult (Andersson and Purugganan 2022).

The analysis of livestock populations from distinct biogeographical regions for which comprehensive phenotypes and environmental information are available (see text box) has an enormous potential to improve the power of landscape genomics and selective sweep analysis to detect adaptation. These include traits like disease, heat and water and food shortage tolerance in the traditional/native breeds across continental regions (e.g., north vs south). The bioinformatics and modelling approaches portrayed above and validated for different organisms should allow us to: i) identify selective sweeps (i.e. genes under strong selection) for a variety of traits; ii) capture genome-environment interactions within and across breeds; iii) provide scientific information on the evolution, adaptation, and selection of livestock to aid conservation of highly diverse and resilient breeds from the Iberian Peninsula.

The identification of genetic variants associated with adaptation and selection processes can contribute to the sustainable management of biodiversity that is essential for dealing with the impact of ongoing climate change. For example, the genes detected in these selective sweeps can be characterised and the associated variants used in the improvement of other breeds (e.g., less diverse transboundary commercial breeds). The results for health-related traits have the potential to contribute to a reduction in major disease outbreaks. The identification of deleterious variants, in particular potential lethal ones, should allow pruning them from the populations. This should result in more viable animals/herds and directly contribute to a reduction of poverty in rural areas.

Concluding remarks

The association of phenotypic diversity with underlying genetic variability is now greatly facilitated by the development of sequencing technologies and genomic analyses methods. Combining the genomic data produced on several domesticated species, particularly on autochthonous breeds, with inferential approaches should provide very interesting and original avenues of research. In our opinion, there is now great opportunity to develop interdisciplinary

research projects among laboratories in the Iberian Peninsula to generate these genomes, identify the most appropriate methods to analyse the data and overcome computational limitations to assure the continued sustainable utilisation of locally adapted farm animal genetic resources.

Example of an integrated project using genomic tools

OPTIBOV: Genetic characterization of cattle populations for an optimised performance in African ecosystems

OPTIBOV is a ERA-Net Cofund project within LEAP-Agri^{8,9,10} a joint Europe-Africa Research and Innovation initiative related to Food and Nutrition Security and Sustainable Agriculture. The project was initiated in September 2018 and ended in August 2022, but the huge dimension of the data collected will impact the team research in the long term. The team is developing association studies of well-defined phenotypes under local conditions with whole genome sequence data. What makes OPTIBOV so unique and innovative is the fact that phenotypes were collected in a specific ecotype under local conditions with their own stressors across different countries and continents. The main idea underlying the project was to generate such data across a North-South transect for sampling local cattle breeds in Finland, The Netherlands, Portugal, Egypt, Uganda and South Africa. In total, approximately 500 animals of 26 autochthonous breeds and the Holstein-Friesian commercial breed were sampled in detail. A combination of sequence data (whole genome, expression, microbiome) and many phenotypic traits is being used to identify biomarkers for adaptation, resilience, and disease resistance.

The focus of OPTIBOV was on smallholder farmers and the knowledge of these local breeders. Contacts and meetings with breeder associations were established to identify those interested in participating and organizing material and data sharing among partners according to the Nagoya Protocol. Specifically, project meetings were organized in South Africa, Uganda and Egypt to promote the training of farmers, young scientists, rural developers and breed associations pertaining OPTIBOV-phenotype protocols and data analyses. The Portuguese team developed flyers in several languages with contributions from all partners for project announcement and dissemination. A centralised biobank is being maintained at Wageningen University in The Netherlands for duplicates of

⁸ <https://cordis.europa.eu/project/id/727715>

⁹ https://leap-agri.com/?page_id=291

¹⁰ <https://subsites.wur.nl/en/optibov-project.htm>

the OPTIBOV samples. In Portugal, there is now a sample bank for the three autochthonous breeds included in this project – Barrosã, Mirandesa and Mertolenga (in addition to the sample bank already established by C. Ginja's team with most Portuguese native cattle breeds represented, as well as native dogs and some sheep breeds).

Analyses pipelines were developed and tested and are being used for the metadata inferences. In addition, long read references are being built for all 26 traditional breeds which will create a unique dataset for the search for adaptation biomarkers. The potential for improved performance will be analysed while maintaining biodiversity and adaptive phenotypes. Furthermore, blood expression profiles of each breed on a selection of animals will enable us to detect the immune and energy status of each of these animals. The microbiome analysis of the faecal samples of all the OPTIBOV animals is being used in the animal health analysis but will also give insights on the GreenHouse Gas emissions of the animals in different ecosystems. The results of our research can be communicated to policy makers through technical reports. Indeed, this is the case of the technical guidelines¹¹ published in 2023 by the Food and Agriculture Organization of the United Nations with major contributions from OPTIBOV researchers.

Acknowledgments

The authors would like to thank the breeder associations and farmers for their collaboration over the years. We would also like to thank our colleagues Lounès Chikhi, Gabriel Marais and Raquel Tavares for fruitful discussions on evolutionary biology and population genetics, and for their careful reading of the manuscript. We also gratefully acknowledge funding for our research from the following entities: Fundação para a Ciência e a Tecnologia (FCT), Portugal, ARIES project (reference: <https://doi.org/10.54499/2022.04843.PTDC>); Programa Ibero-americano de Ciência e Tecnologia para o Desenvolvimento (CYTED), through the REZGEN-IBA network, Red iberoamericana sobre los recursos zoogenómicos y su resiliencia (reference: https://www.cytel.org/web_redes.php?id_rede=511); and the LEAP-Agri programme, OPTIBOV project (reference: https://leap-agri.com/?page_id=291).

Glossary^{12,13}

Admixture: it occurs when individuals from two or more previously isolated populations interbreed, admixed or hybrid individuals have mixed ancestry.

Autosome: one of the numbered pairs of chromosomes, as opposed to the sex chromosomes.

Gene flow: is any movement of genetic material from one population to another (e.g., through migration) and is an important source of genetic variation.

Genetic drift: is a mechanism of evolution characterized by random fluctuations in the frequency of a particular version of a gene (allele) in a population.

Genome: all the genetic information an organism carries. A reference genome is used to map sequencing reads and identify the exact position of each nucleotide base.

Genome coverage: the average number of reads that align to, or “cover,” known bases in a reference genome. For high coverages, each base is confirmed by a greater number of aligned sequence reads, so base calls can be made with high confidence.

Genome Wide Association Study: abbreviated GWAS, is a research approach used to identify genomic variants that are statistically associated with a risk for a disease or a particular phenotypic trait.

Genotyping: a genotype is a scoring of the type of variant present at a given location (*i.e.*, a locus) in the genome.

Haplotype: is a physical grouping of genomic variants (or polymorphisms) that tend to be inherited together.

Inbreeding: Mating between relatives, defined as a pattern of mating in which mates are more closely related than two individuals selected at random from the population.

Introgression: the transfer of genetic material from one species to another through hybridization, e.g., from the wild ancestor species to the domestic counterparts, or vice versa, co-existing in the same territory.

Landscape genomics: aims to identify the environmental factors that shape adaptive genetic variation and the gene variants that drive local adaptation.

Microbiome: is the community of microorganisms (e.g., fungi, bacteria and viruses) that exists in a particular environment.

¹¹ <https://doi.org/10.4060/cc3079en>

¹² <https://www.genome.gov/genetics-glossary>

¹³ <https://evolution.berkeley.edu/glossary/>

Microsatellite: a short segment of DNA, usually one to six or more base pairs in length, that is repeated in tandem at a particular genomic location.

Mitochondrial DNA/mitogenome: the circular chromosome found inside the cellular organelles called mitochondria, located in the cytoplasm, inherited from the mother.

Pangenome: a collection of reference genome sequences deriving from several individuals which together capture significantly more population diversity than a single reference genome.

Phylochronology: the study of populations in space and time using phylogenetic and population genetics methods.

Quantitative trait loci: genetic regions that influence phenotypic variation of a complex trait, often through genetic interactions with each other and the environment.

Reference allele-bias: the alignment of high-throughput sequencing reads to a reference genome can introduce a bias, as variants carrying the same allele as the reference will have higher mapping scores, this can cause missing alternative alleles or calling heterozygous sites as homozygous.

Selective sweep: a process by which a new advantageous (or artificially selected) genetic variant eliminates or reduces variation in linked neutral sites as it increases in frequency in the population.

Recombination: a process in which pairs of chromosomes swap DNA with one another during gamete formation, and thus a source of genetic variation.

References

- Ajmone-Marsan, Paolo, Paul J. Boettcher, Licia Colli, Catarina Ginja, Juha Kantanen, and Johannes A. Lenstra, eds. 2023. *Genomic Characterization of Animal Genetic Resources. Genomic Characterization of Animal Genetic Resources*. Rome: FAO. <https://doi.org/10.4060/cc3079en>.
- Andersson, Leif, and Michael Purugganan. 2022. "Molecular Genetic Variation of Animals and Plants under Domestication." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 119 (30). <https://doi.org/10.1073/pnas.2122150119>.
- Bruford, M W, C Ginja, I Hoffmann, S Joost, P Orozco-terWengel, F J Alberto, A J Amaral, et al. 2015. "Prospects and Challenges for the Conservation of Farm Animal Genomic Resources, 2015-2025." *Frontiers in Genetics* 6. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00314>
- Crysnanto, Danang, Alexander S. Leonard, Zih-Hua Fang, and Hubert Pausch. 2021. "Novel Functional Sequences Uncovered through a Bovine Multiassembly Graph." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 118 (20). <https://doi.org/10.1073/pnas.2101056118>.
- Fonseca, Rute R. Da, Irene Ureña, Sandra Afonso, Ana Elisabete Pires, Emil Jørsboe, Lounès Chikhi, and Catarina Ginja. 2019. "Consequences of Breed Formation on Patterns of Genomic Diversity and Differentiation: The Case of Highly Diverse Peripheral Iberian Cattle." *BMC Genomics* 20 (1): 334. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5685-2>.
- Forster, E. S., and Edward H. Heffner. 1954. *Columella. On Agriculture, Volume II: Books 5-9*. Cambridge, MA, USA: Harvard University Press. <https://www.loebclassics.com/view/LCL407/1954/volume.xml>.
- Gaspar, Daniel, Ana Usié, Célia Leão, Sílvia Guimarães, Ana Elisabete Pires, Claudino Matos, António Marcos Ramos, and Catarina Ginja. 2023. "Genome-Wide Assessment of the Population Structure and Genetic Diversity of Four Portuguese Native Sheep Breeds." *Frontiers in Genetics* 14 (January). <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1109490>.
- Ginja, C., L.T. Gama, O. Cortés, I.M. Burriel, J.L. Vega-Pla, C. Penedo, P. Sponenberg, et al. 2020. "Author Correction: The Genetic Ancestry of American Creole Cattle Inferred from Uniparental and Autosomal Genetic Markers (Scientific Reports, (2019), 9, 1, (11486), 10.1038/S41598-019-47636-0)." *Scientific Reports* 10 (1). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-73066-4>.
- Ginja, Catarina, Silvia Guimarães, Rute R. da Fonseca, Rita Rasteiro, Ricardo Rodríguez-Varela, Luciana G. Simões, Cindy Sarmento, et al. 2023. "Iron Age Genomic Data from Althiburos – Tunisia Renew the Debate on the Origins of African Taurine Cattle." *iScience* 26 (7). <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107196>.
- Klein, Julius. 1920. *The Mesta: A Study in Spanish Economic History, 1273-1836*. Cambridge, MA, USA: Harvard University Press. <http://www.archive.org/details/mestas-tudyinspan00kleiuoft>.
- Rouse, J E. 1977. *The Criollo: Spanish Cattle in the Americas*. U.S.A.: NORMAN, University of Oklahoma Press.

O melhoramento genético florestal

MANUEL LOUREIRO (GPP, coord.), com contributos de RITA LOURENÇO COSTA (INIAV, I.P.); JOSÉ ALEXANDRE ARAÚJO (RAIZ); SUSANA CARNEIRO, PEDRO TEIXEIRA e MARGARIDA MENDES SILVA (Centro PINUS); ISABEL CARRASQUINHO (INIAV, I.P.); FILIPE COSTA E SILVA (ISA); ANA USIÉ E LILIANA MARUM (CEBAL); LUÍS LEAL (ALTRI); CRISTINA SANTOS, ANA ALMEIDA e JOSÉ MANUEL RODRIGUES (ICNF, I.P.)

Sendo a floresta uma importante componente do mundo rural não poderia ficar excluída deste número da Cultivar, ainda que o tema, nesta componente específica, desse por si só matéria para uma edição completa. Assim sendo e com o objetivo de dar a conhecer o trabalho que se tem vindo a desenvolver neste contexto do melhoramento genético florestal, foram contactadas diferentes entidades e investigadores ligados aos diversos subsectores, solicitando que, de forma muito sucinta, nos relatassem os desenvolvimentos recentes que tem havido no processo de melhoramento e sua ligação à produção florestal nacional.

O melhoramento genético florestal é uma ferramenta que visa a obtenção de indivíduos mais vantajosos em relação aos seus progenitores, relativamente a determinadas características que são valorizadas, nomeadamente a nível de sanidade, qualidade e produtividade.

A sua evolução está muito ligada à taxa de crescimento das respetivas espécies, o que origina que as atividades de melhoramento florestal demorem muito tempo a produzir resultados, comparativamente com as espécies agrícolas. Pode mesmo acontecer que tais atividades sejam inexistentes relativamente a algumas espécies ou sejam abandonadas

os trabalhos entretanto desenvolvidos, também por falta de continuidade dos financiamentos.

Também neste setor, as formas empíricas que ao longo dos tempos foram sendo utilizadas tiveram um impulso com as descobertas de Mendel e da genética moderna, nomeadamente, nas áreas da genética quantitativa, das populações, e molecular.

No nosso país, são vários os exemplos que foram surgindo ao largo do século XX, em que de forma mais sistematizada se iniciaram estudos e trabalhos com vista ao melhoramento genético de espécies florestais, quer com objetivos de qualidade da produção quer com objetivos de resistência a doenças, associando organismos da administração pública, universidades, empresas e mesmo organizações setoriais.

Foi o caso do professor Joaquim Vieira Natividade que, em 1945, concebeu as “Bases Para um Plano de Reconstituição, Valorização e Defesa dos Soutos Portugueses”, com o objetivo principal de vir a produzir castanheiros resistentes à doença da tinta dos castanheiros que, na época, dizimava os soutos nacionais.

Outras espécies foram objeto de estudos de melhoramento genético com o objetivo de aumentar a

produção em quantidade e qualidade de material lenhoso para o pinheiro-bravo, a qualidade da cortiça no sobreiro, ou, mais recentemente, a produção de fruto no pinheiro-manso e na camarinha (*Corema album*), bem como a resistência/tolerância de todas estas espécies a pragas e doenças.

Desde os anos 80 do século passado, o melhoramento genético do eucalipto tem sido assegurado por empresas privadas, com a vantagem de se tratar de uma espécie de rápido crescimento e rotações curtas, tendo em vista inicialmente uma melhoria da qualidade e quantidade e mais tarde indo ao encontro de novas preocupações e sensibilidades, nomeadamente questões relacionadas com adaptabilidade, redução de custos operacionais e de laboração fabril, sanidade, etc.

No âmbito do melhoramento do sobreiro, foram selecionadas diversas proveniências em sete países da sua distribuição natural, que formam a base da rede internacional de ensaios de proveniência de “*Quercus suber* FAIR 202”, dinamizada pela Ação Concertada FAIR 20218 e financiada pela Comissão Europeia (FP5). Estes ensaios constituem um material único para a caracterização da variabilidade genética do sobreiro (Varela *et al.*, 2003), que têm sido objeto de acompanhamento regular em Portugal e nos restantes países. Os seus resultados já proporcionam informações de grande importância para a conservação dos recursos genéticos do sobreiro.

Vários financiamentos públicos de projetos de Investigação e Desenvolvimento (I&D) têm sido aprovados, com recurso a fundos nacionais e europeus. Estes projetos permitiram o desenvolvimento de diversos ensaios genéticos e a criação de parques e pomares de clones que constituem uma importante reserva em recursos genéticos para as diferentes espécies florestais.

Em 2018, é obtida a descodificação do genoma da árvore nacional, o sobreiro, num projeto denominado “Genosuber – Sequenciação do Genoma do Sobreiro”, por uma equipa coordenada pelo Centro de Biotecnologia Agrícola e Agro-Alimentar do Alentejo (CEBAL) em que estiveram envolvidas várias

entidades e investigadores, nomeadamente do parque tecnológico Biocant (em Cantanhede), do Instituto de Biologia Experimental e Tecnológica (iBET), do Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária (INIAV) e do Instituto de Tecnologia Química e Biológica António Xavier (ITQB-NOVA). O projeto iniciou-se em 2013 e foi ao longo do tempo conseguindo obter financiamento com dinheiros públicos e privados, abrindo portas para uma evolução na investigação e no melhoramento genético com recurso a este importante instrumento.

Nesse mesmo ano de 2018, com vista a dar enquadramento de uma forma sistematizada a uma operação do Programa de Desenvolvimento Rural (PDR2020), relativa à conservação e melhoramento de recursos genéticos florestais, foi elaborado o Programa Operacional da Administração Pública para a Conservação e Melhoramento dos Recursos Genéticos Florestais, PROGEN.

Assim, após este brevíssimo enquadramento, seguem-se os contributos de vários investigadores e entidades que apresentam o excelente trabalho que se tem vindo a desenvolver no nosso país ao nível do melhoramento genético florestal, e a forma como o resultado desse trabalho tem passado para a produção, permitindo-nos obter um panorama do que se faz em Portugal nesta área.

Referências

- PROGEN, Programa Operacional da Administração Pública para a Conservação e Melhoramento dos Recursos Genéticos Florestais. INIAV ICNF – 2018: https://www.iniaiv.pt/images/Investigacao_Inovacao/sistemas-florestais/progen_pdr_7_8_iniaiv_icnf_2018.pdf
- Varela MC, Bellarosa R, Eriksson, G, Bariteau M, Catalan G, Branco T, Barros I, Chambel M, Almeida, MH, Hassan S, Khouja ML, Khaldi, A, Muhs H, Wuelisch, 2003. Nursery, Raising and labelling of the material in European network for the evaluation of genetic resources of cork oak for appropriated use in breeding and gene conservation strategies. HANDBOOK of the concerted action on cork oak: FAIR 1 CT 95 0202. -ISBN 972-95736-7-0- M C Varela M.C. editor, INIA: Estação Florestal Nacional, Oeiras. <https://www.iniaiv.pt/divulgacao/publicacoes-bd/handbook-of-the-eu-concerted-action-on-cork-oak>

Melhoramento genético de castanheiro

RITA LOURENÇO COSTA

Investigadora coordenadora, INIAV – Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária*

Em 2006, o INIAV iniciou um programa de melhoramento genético de castanheiro para a resistência a stresses bióticos, com especial enfoque para a doença da tinta, integrando desde o início as abordagens mais recentes de transcritômica, biotecnologia vegetal e histopatologia. A doença da tinta continua a ser uma das principais ameaças à cultura do castanheiro, responsável pela baixa produtividade dos soutos portugueses.

O melhoramento genético baseia-se em cruzamentos controlados entre a espécie europeia (*Castanea sativa*), muito sensível a *Phytophthora cinnamomi*, agente causal da doença da tinta e as espécies asiáticas resistentes *Castanea crenata* e *Castanea mollissima*. O objetivo primordial do programa de investigação tem sido tentar descodificar os mecanismos de resistência das espécies asiáticas, através de uma abordagem conjunta de transcritômica, mapeamento genético e histopatologia, para transferência do conhecimento para o melhoramento da espécie europeia.

Na transcritômica, foram selecionados genes de defesa, tais como recetores de reconhecimento, reforço da parede celular, vias de sinalização das hormonas do ácido salicílico e etileno/ácido jasmónico, atividade antifúngica, resposta a stress oxidativo e proteólise e acumulação de compostos fenólicos nas paredes celulares. De todos eles, o gene *Cast_Gnk2-like*, que codifica uma proteína antifúngica, foi o que melhor discriminou entre os génotipos sensíveis e resistentes (Santos *et al.*, 2017a). Desta forma, foi utilizado em estudos subsequentes de transformação genética mediada por *Agrobacterium tumefaciens* de linhas embriogénicas de castanheiro, bem como na purificação da proteína que codifica, para validação da sua expressão e funcionalidade (Colavolpe *et al.*, 2023). Por associação dos fenótipos

com os génotipos das descendências obtidas dos cruzamentos controlados, foram construídos mapas de ligação genética onde se identificaram zonas do genoma envolvidas na resistência (QTL – Quantitative Trait Loci) (Santos *et al.*, 2017b) A abordagem de histopatologia possibilitou a caracterização, pela primeira vez, do processo de infeção de *P. cinnamomi*, a nível celular, comparando a progressão da infeção em raízes de castanheiros suscetíveis (*C. sativa*) com os castanheiros resistentes (*C. crenata*) (Fernandes *et al.*, 2021).

Para além da investigação básica ou fundamental, o programa tem também uma componente aplicada, orientada para o mercado. Foram selecionados, até ao momento, sete novos génotipos que revelaram resistência melhorada a *P. cinnamomi*, após inoculação de raízes de réplicas de cada génotipo, obtidas por micropropagação (clones). Três destes génotipos, com aptidão para porta-enxerto, já estão inscritos no Registo Nacional de Variedades de Fruteiras, 2ª Edição de 2023 da DGAV, e um deles, SC1202, com um pedido de proteção submetido à CPVO (Community Plant Variety Office, Instituto Comunitário de Variedades Vegetais).

Ao integrar diversas abordagens científicas, o programa tem promovido avanços significativos na produção de castanheiros mais resistentes e sustentáveis, contribuindo assim para um aumento de produtividade e uma gestão mais sustentável dos soutos portugueses.

Bibliografia citada

Colavolpe MB, Vaz Dias F, Serrazina S, Malhó R, Lourenço Costa R. (2023) *Castanea crenata* Ginkbilobin-2-like Recombinant Protein Reveals Potential as an Antimicrobial against *Phytophthora cinnamomi*, the Causal Agent of Ink

Disease in European Chestnut. *Forests*. 2023; 14(4):785. <https://doi.org/10.3390/f14040785>

Santos C, Duarte S, Tedesco S, Fevereiro P e Costa Lourenço R (2017 a) Expression profiling of *Castanea* genes during resistant and susceptible interactions with the oomycete pathogen *Phytophthora cinnamomi* reveal possible mechanisms of immunity. *Frontiers in Plant Science*, <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00515>

Santos C, Nelson CD, Zhebentyayeva T, Machado H, Gomes-Laranjo J, Costa RL (2017 b) First interspecific genetic

linkage map for *Castanea sativa* x *Castanea crenata* revealed QTLs for resistance to *Phytophthora cinnamomi*. *PLoS ONE* 12(9): e0184381. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0184381>

Fernandes P., Machado H., Silva M.C., Costa R.L. (2021). Histopathological study reveals new insights into responses of chestnut (*Castanea* spp.) to root infection by *Phytophthora cinnamomi*. *Phytopathology*. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-04-20-0115-R>

Melhoramento genético de eucalipto

JOSÉ ALEXANDRE ARAÚJO

RAIZ – Instituto de Investigação da Floresta e do Papel*

O Programa de Melhoramento Genético (PMG) de *Eucalyptus globulus*, conduzido pelo RAIZ e herdado das empresas PORTUCEL e SOPORCEL, deu continuidade ao trabalho que aquelas empresas já tinham encetado em 1985.

Nos primeiros 10 anos, dominou-se a técnica de propagação vegetativa e foi estabelecida uma rede de ensaios de campo, ainda pouco representativa, e que incluía os primeiros clones selecionados em matas comerciais e multiplicados vegetativamente (árvores *plus*), planta seminal obtida por semente colhida nessas mesmas árvores e por lotes importados da Austrália, estes com intuito de criar uma diversidade genética que sustentasse o PMG a longo prazo.

Com a criação do RAIZ em 1996, o PMG recebeu a missão de contribuir para a competitividade da indústria, quer em termos de crescimento e sobrevivência das árvores quer no impacto nos processos fabris. Para isso, foi estabelecido um índice de seleção denominado “Produção em Pasta”, que valoriza a quantidade de pasta produzida por área florestada com um clone, em comparação com a obtida usando

plantas não melhoradas, refletindo uma visão integrada da cadeia Floresta-Pasta-Papel.

Instalaram-se parques de hibridação com enxertias e, por cruzamentos controlados, foram geradas melhores descendências. Desenvolveu-se um protocolo de certificação de identidade genética que contribui para o controlo de qualidade do PMG. A rede de ensaios expandiu-se e conta agora com cerca de 220 ensaios ativos. A base de dados acumula vasta gama de informações, incluindo registos de altura, diâmetro, sobrevivência, densidade e rendimento e suscetibilidade a pragas e doenças. Periodicamente, é realizada uma análise genética utilizando metodologia sofisticada como BLUP/AsREML, envolvendo mais de 167 000 registos de crescimento, 75 000 de sobrevivência e 60 000 de densidade e rendimento. Com estes resultados, constrói-se o índice “Produção Pasta/ha”. Os 50 000 indivíduos do PMG são ordenados pelo índice de seleção de forma decrescente e os mais valiosos escolhidos como progenitores de novos ciclos de melhoramento ou como clones recomendados para viveiro. Neste último caso, devem ser resistentes à doença de viveiro *Neopestalotiopsis*

* <https://raiz-iifp.pt/>

sp. e apresentar taxa de enraizamento compatível com a produção em larga escala.

Embora a via seminal também seja uma opção através dos pomares de semente instalados, os maiores ganhos na floresta são alcançados por via clonal, com acréscimos de 40% refletindo o valor dos atuais 10 clones em produção no viveiro.

Apesar da diversidade genética de *E. globulus* e do potencial de melhoramento, as mudanças climáticas estão a criar condições de estresse ambiental, abiótico e biótico, para as quais outras espécies de *Eucalyptus* podem ser interessantes. Nesse contexto, a experimentação de espécies visando a hibridação com a *E. globulus* pretende obter clones que combinem maior vigor e resistência com a aptidão para a elaboração de pasta e papel.

Importância do melhoramento genético para a sustentabilidade da fileira do pinho

SUSANA CARNEIRO, PEDRO TEIXEIRA e MARGARIDA MENDES SILVA

Centro PINUS*

Se existisse um livro com a história do Centro PINUS, teria um importante capítulo com o título: “Fazer chegar ao terreno plantas com melhoramento genético”. Desde a nossa fundação, há 26 anos, trabalhamos em parceria com o INIAV, o ICNF e associados ligados à produção para escrever este capítulo. E qual foi a nossa motivação? A mesma que orienta toda a nossa atuação: a sustentabilidade de uma Fileira que se destaca pela sua importância social, ambiental e económica, representando¹ 80% dos empregos diretos e 57% do VAB das indústrias da Fileira, 3,4% das exportações nacionais e o maior reservatório de carbono da floresta nacional.

O volume em crescimento de pinheiro-bravo registou² um decréscimo de 37% entre 2005 e 2019 e o melhoramento genético é estratégico para inverter esta tendência e dar resposta a metas de política florestal. Atualmente, conseguimos produzir plantas com um ganho genético de 21% em volume e em quantidade para arborizar cerca de 2 000 hec-

tares/ano. Dispomos de uma rede de ensaios e um património genético valiosíssimos. Mas precisamos de fazer mais. O Centro PINUS estima ser necessário rearborizar cerca de 8 000 hectares/ano para alcançar a meta mínima de área para o pinheiro-bravo em 2030, preconizada na Estratégia Nacional para as Florestas. Se as necessidades de (re)arborização forem asseguradas com plantas melhoradas, o contributo para o aumento da produtividade será assinalável, contribuindo para alcançar 9 m³/ha/ano em 2050, objetivo definido no Roteiro Nacional para a Neutralidade Carbónica.

Com o apoio do PRR – Plano de Recuperação e Resiliência (Agenda transForm) iremos, em parceria, instalar 12 hectares de novos pomares, o que permitirá aumentar para cerca de 6 000 hectares/ano a capacidade de (re)arborização com plantas melhoradas.

Para dar continuidade a este projeto é imprescindível investimento público consistente. É positivo

* <https://www.centropinus.org/>

¹ INE, 2023 e 2022 (SCIE e Comércio Internacional); ICNF, 2019 (IFN6)

² ICNF, 2019 (IFN6)

que o PEPAC – Plano Estratégico da Política Agrícola Comum mantenha uma intervenção de apoio ao Melhoramento Genético Florestal (a C1.1.5), tal como o PDR2020 se encontra a apoiar o projeto “Conservação e Melhoramento de Recursos Genéticos Florestais”³, em que somos parceiros. Paralelamente, é

indispensável a capacitação técnica e operacional do ICNF e do INIAV com pelo menos dois investigadores auxiliares dedicados ao melhoramento genético e aumento da capacidade de recolha de semente. No futuro, continuaremos empenhados em contribuir para a melhor versão possível desta história.

Melhoramento do pinheiro-bravo e do pinheiro-manso

ISABEL CARRASQUINHO

INIAV, I.P. – Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P.*

No início dos anos de 1950, a prática do melhoramento genético no pinheiro-bravo cingia-se apenas ao emprego de semente originária de regiões em que abundavam bons pinhais, não se fazendo qualquer escolha dos pés-mães para a sua colheita (Pereira-Machado, 1953a). Contudo, a nível experimental, Pereira-Machado (1953b) realizava as primeiras polinizações artificiais entre pinheiros que tinha selecionado pela produção elevada de gema. À época, esta atividade de seleção de árvores *plus* não teve continuidade, muito embora a resinagem estivesse, à época, a ser amplamente praticada nos pinhais portugueses. Atualmente, a exploração de resina nacional de pinheiro-bravo voltou a considerar-se importante e um projeto de melhoramento genético foi integrado no Consórcio Integrado Resina Natural 21 (RN21), aprovado em 2021.

A primeira seleção fenotípica no pinheiro-bravo para o volume e forma do tronco decorreu na Mata Nacional de Leiria (MNL) entre 1963 e 1965. Foi realizada por um técnico australiano com a colaboração dos investigadores portugueses, pioneiros em melhoramento genético florestal e que exerciam a sua atividade na Estação de Experimentação Florestal.

A presença do técnico australiano em Portugal surgiu na sequência de ensaios que as autoridades flores-

tais australianas vinham a desenvolver desde o início do século XX, com vista à seleção de espécies e proveniências a introduzir numa zona infértil e desarborizada na zona ocidental da Austrália. Os resultados desses ensaios de proveniências mostraram claramente que o pinheiro-bravo e a proveniência de Leiria era a que melhor aí se adaptava, apresentando elevados crescimentos em volume e boa forma do tronco.

As ações realizadas nesses anos foram de grande relevância, pois permitiram chamar a atenção, entre os florestais portugueses, para a importância da qualidade do material florestal de reprodução (MFR) a utilizar no setor florestal. Dessa colaboração com a Austrália, foi possível estabelecer, por enxertia, na Mata Nacional do Escaroupim (MNE), entre 1970 e 1978, o Pomar Clonal Produtor de Sementes constituído por cópias vegetativas dos génotipos selecionados na MNL.

Em 1988, enquadrado no programa “*Amélioration d’espèces forestières*” financiado pelo Banco Mundial, foi publicada a primeira estratégia de melhoramento para o pinheiro-bravo em Portugal, cujos principais objetivos estavam focados nos aumentos de produção em volume por hectare, na retidão do fuste e na diminuição do grão espiralado (Roulund

³ <https://projects.iniaiv.pt/PINHEIRO-BRAVO/>

* <https://www.iniaiv.pt/>

et al., 1988). Tratava-se de um plano de longo prazo, baseado na implementação de vários ciclos de testes genéticos, utilizando métodos de genética quantitativa para avaliar a população de melhoramento e constituir as populações de produção capazes de ir disponibilizando MFR a utilizar na (re)arborização, de forma a permitir a obtenção de material lenhoso de qualidade para alimentar a indústria de serração (PROGEN, 2018). Estava já incluída nesta estratégia o estabelecimento de uma população de conservação para garantir a preservação da variabilidade genética da espécie com o avanço das gerações de melhoramento.

Os vários projetos de Investigação e Desenvolvimento (I&D) que foram sendo aprovados permitiram o desenvolvimento do programa de melhoramento genético com a identificação de povoamentos produtores de semente da categoria de “selecionada”, o estabelecimento de um ensaio de descendências (Aguiar, 1989), de um ensaio de proveniências (Aguiar *et al.*, 1995) e de um ensaio de estacaria (Carrasquinho *et al.*, 2001), a realização de novas seleções fenotípicas, alargadas à área de distribuição do pinheiro-bravo no país, o estabelecimento de novos ensaios de descendências, a instalação de pomares seminais e a delimitação de regiões de proveniência (Carneiro *et al.*, 2001).

Os vários financiamentos públicos de projetos de I&D contribuíram para o estabelecimento de um conjunto de estruturas físicas no país, nomeadamente, ensaios genéticos, parques e pomares de clones que, geridas pelo INIAV em colaboração estreita com o Instituto da Conservação da Natureza e das Florestas (ICNF I.P.), constituem uma reserva importante em recursos genéticos para as diferentes espécies florestais.

Nos últimos anos e de acordo com os inventários florestais nacionais, o pinheiro-manso foi a espécie florestal que apresentou o maior incremento em área arborizada. O aumento reportado revela o interesse que esta espécie tem suscitado junto dos proprietários e resulta não só das medidas implementadas pelos vários Quadros Comunitários de Apoio (QCA) para instalação de novos povoamentos, mas também

das características da espécie, como por exemplo, a elevada capacidade de sobrevivência após plantação, a tolerância às secas no verão e às baixas temperaturas ocasionais do inverno (Court-Picon *et al.*, 2004). Estas medidas vieram contribuir para alterar a composição e estrutura do pinhal manso e tornar o pinhão no principal produto de exploração económica. Assim, para além de povoamentos jardinados, mistos de baixas densidades, encontram-se cada vez mais representados os povoamentos jovens, puros e equiênicos, com maior densidade arbórea.

No final dos anos 80 do século passado, Barreira e Alpuim (1988) delinearão um programa de melhoramento genético para esta espécie, visando o aumento da produção de pinha e do pinhão. Considerou-se como critério de seleção a produção de pinha, avaliada pelo número total de pinhas produzidas e respetivo peso da pinha.

É reconhecido que a competitividade de uma fileira passa necessariamente pela utilização de material florestal de reprodução (MFR) de qualidade genética. A procura crescente de MFR face às necessidades para instalação de novos povoamentos impulsionou o desenvolvimento de atividades ligadas ao melhoramento genético. Assim, através de projetos financiados pelo PAMAF -Programa de Apoio à Modernização Agrícola e Florestal e pelo PIDDAC - Programa de Investimento e Despesas de Desenvolvimento da Administração Central, iniciou-se a identificação de povoamentos bons produtores de pinhas, de árvores com elevadas produções (árvores *plus*), o fomento da enxertia para a instalação de pomares produtores de pinhão, a demarcação de regiões de proveniência para regularizar a circulação e comercialização dos MFR, o estabelecimento de ensaios de proveniências para estudar a variabilidade genética. Cerca de 60 árvores foram selecionadas fenotipicamente e instaladas, por multiplicação vegetativa, em dois parques clonais, atualmente registados no Catálogo Nacional dos Materiais de Base.

Mais tarde, com os projetos financiados pelo Programa AGRO e pelo Fundo Florestal Permanente, avançou-se com o estabelecimento de uma metodologia de seleção de novas árvores *plus* (Carrasquinho

et al., 2010) e a avaliação da variabilidade genética de proveniências (Carrasquinho e Gonçalves, 2013). De facto, as árvores *plus* anteriormente selecionadas pertenciam, na sua maioria, à classe de idade mais elevada. Para garantir a sustentabilidade do programa de melhoramento, a seleção foi estendida às árvores mais jovens e/ou menores, que também deveriam estar entre as mais produtivas na sua classe de dimensão. A identificação de diferentes grupos de desenvolvimento foi uma forma de garantir uma seleção imparcial de árvores, principalmente em povoamentos jardinados.

Atualmente, com vista à seleção genética de indivíduos mais produtivos, encontra-se em curso um ensaio de seleção policlonal, utilizando a metodologia utilizada para o melhoramento da videira (Resolução OIV-VITI564B, 2019) instalado no âmbito do PDR2020, que visa avaliar não só a variabilidade genética para a produção de pinha e de pinhão, como também selecionar geneticamente um grupo com os genótipos mais produtivos, a fim de os disponibilizar aos produtores florestais que pretendam instalar pomares produtores de pinhão.

Em condições de alterações climáticas, avaliar e conservar a variabilidade genética existente de uma espécie é uma prioridade para garantir a sua sustentabilidade. A deteção da existência de variabilidade genética para as características de crescimento e adaptabilidade no pinheiro-manso e a identificação de um conjunto das melhores proveniências para essas características garantem o sucesso de um programa de melhoramento genético para esta espécie.

Referências bibliográficas

- Aguiar A, 1989. Estudo da variabilidade genética de algumas características juvenis em descendências maternas de pinheiro-bravo (*Pinus pinaster* Ait.). Dissertação apresentada para efeitos de acesso à categoria de Investigador Auxiliar da carreira de Investigação. INIA, EFN. Lisboa 80p.
- Aguiar A, Alpuim M., Roldão I, 1995. Ensaio de proveniências de *Pinus pinaster* Ait. (Resultados preliminares). *Silva Lusitana* 3(1): 53-63.
- Barreira L, Alpuim M, 1988. Contribuição para um programa de melhoramento de Pinheiro manso (*Pinus pinea* L.). Encontro sobre o Pinheiro manso organizado pela Sociedade Portuguesa de Ciências Florestais, de 25-26 de novembro 1988, Alcácer do Sal.
- Carneiro M, Lobo P, Sousa H, Carrasquinho I, Correia I, Aguiar A. 2001. Estudos de base para a delimitação de Regiões de proveniência de pinheiro-bravo. *Silva Lusitana* 9(1): 35-46.
- Carrasquinho I, Aguiar A, Correia I, Baeta J, 2001. Análise do crescimento em altura de plantas de pinheiro-bravo por estacaria. Atas do 4.º Congresso Florestal. Livro de resumos do IV Congresso Florestal Nacional “A floresta na sociedade do futuro”, 28-30 novembro 2001, Évora: 134.
- Carrasquinho I, Freire J, Rodrigues A, Tomé M, 2010. Selection of *Pinus pinea* L. plus trees candidates for cone production. *Annals of Forest Science*, 67(8): 814. Doi: 10.1051/forest/2010050.
- Carrasquinho I e Gonçalves E, 2013. Genetic variability among *Pinus pinea* L. provenances for survival and growth traits in Portugal. *Tree Genetics & Genomes*, 9: 855-866. <https://doi.org/10.1007/s11295-013-0603-2>.
- Court-Picon M, Gadbin-Henry C, Guibal F, Roux M, 2004. Dendrometry and morphometry of *Pinus pinea* L. in Lower Provence (France): adaptability and variability of provenances. *Forest Ecology Management*, 194: 319-333.
- Pereira-Machado D, 1953a. Sobre o melhoramento do pinheiro-bravo no sentido de obter árvores de elevada capacidade de produção de gema para a constituição dos futuros povoamentos. I – Propagação vegetativa, suas possibilidades. *Estudos e Informação*, 5(3). Direção Geral dos Serviços Florestais e Aquícolas. 29 pps.
- Pereira-Machado D, 1953b. Influência da operação de resinação na frutificação do pinheiro-bravo. *Estudos e Informação*, 3(3). Direção Geral dos Serviços Florestais e Aquícolas. 11 pps.
- PROGEN, 2018. Programa operacional da administração pública para a conservação e melhoramento dos recursos genéticos florestais. INIAV e ICNF. Ministério da Agricultura, Florestas e Desenvolvimento Rural. Documento anexo à Portaria n.º 232/2019: https://www.inia.pt/images/Investigacao_Inovacao/sistemas-florestais/progen_pdr_7_8_iniaiv_icnf_2018.pdf
- Resolution OIV-VITI564B, 2019. Process for the Recovery and Conservation of the Intravarietal Diversity and the Polyclonal Selection of the Vine in Grape Varieties with Wide Genetic Variability. International Organisation of Vine and Wine: Paris, France. <https://www.oiv.int/public/medias/6939/oiv-viti-564b-2019-en.pdf>.
- Roulund H, Alpuim M, Varela MC, Aguiar A, 1988. A Tree Improvement plan for *Pinus pinaster* in Portugal. EFN. Lisboa.

O melhoramento do sobreiro em Portugal

FILIPE COSTA E SILVA

ISA – Instituto Superior de Agronomia*

O melhoramento genético é uma componente-chave de qualquer silvicultura moderna. Ao criar populações mais eficientes em termos produtivos, mais resilientes, ou populações de indivíduos com características de maior qualidade tecnológica, contribui significativamente para melhorar a qualidade das arborizações. Presentemente, em resultado do desenvolvimento da genética molecular, os programas de melhoramento mais avançados incorporam também esta ferramenta na avaliação da diversidade genética, no grau de contaminação em pomares, na planificação dos cruzamentos, na identificação de material melhorado ou na deteção de erros de etiquetagem. No entanto, os programas de melhoramento de espécies florestais lenhosas de longa rotação, como é o caso do sobreiro, permanecem menos desenvolvidos que os de espécies de rotações curtas (ex. choupos, eucaliptos) ou os de espécies coníferas. No contexto do setor florestal, os investimentos em projetos com vida útil superior a 40 anos, como os necessários para as espécies lenhosas de longa rotação, não são muito atrativos.

A necessidade de melhoramento do sobreiro é reconhecida desde longa data, tendo o professor Vieira Natividade, já nos anos 30 do século passado, alertado para a falta de estudos genéticos: *“Que é urgente melhorar a qualidade das nossas cortiças, e que só assim podemos atenuar a concorrência futura, é evidente. A criação de novos sobreirais, ou a regeneração dos decrépitos, utilizando plantas de origem conhecida, é a solução do problema.”* Após 90 anos, não teve ainda início qualquer programa de

melhoramento. As principais razões são a ausência de investimento, público ou privado, justificada pelo longo ciclo reprodutivo do sobreiro (com uma longa fase juvenil) e a sua complexa biologia reprodutiva (com auto-incompatibilidade e um elevado grau de heterozigidade). Outra razão é o tempo necessário para obter uma avaliação precisa da qualidade da cortiça, que apenas é viável a partir da terceira extração, ou seja, geralmente em árvores com mais de 40 anos de idade.

Deste modo, as primeiras iniciativas de melhoramento ocorreram apenas em 1998, através de um programa colaborativo europeu com o objetivo de estudar a variabilidade genética do *Quercus suber*. No âmbito deste projeto, foi instalada uma rede internacional de 17 ensaios genéticos (de proveniências e de descendências), em seis países da região mediterrânica, que cobrem a área de distribuição natural da espécie. No âmbito do projeto SuberGen+ (“Conservação e Melhoramento Genético do Sobreiro”, PDR 2020) os ensaios portugueses têm vindo a ser monitorizados e está em curso a publicação de um manual sobre a variabilidade das características adaptativas em Materiais Florestais de Reprodução de sobreiro com diferentes origens geográficas. É com base nesta caracterização dos recursos genéticos e no conhecimento da variabilidade fenotípica das diferentes proveniências, que se poderá delinear um programa de melhoramento genético para criar populações de sobreiro com as características desejáveis como por exemplo, produção de cortiça de melhor qualidade ou maior resistência à seca.

* <https://www.isa.ulisboa.pt/>

O futuro da sustentabilidade do sobreiro

ANA USIÉ & LILIANA MARUM

CEBAL – Centro de Biotecnologia Agrícola e Agro-Alimentar do Alentejo*

O projeto GenoSuber⁴, liderado pelo Centro de Biotecnologia Agrícola e Agro-Alimentar do Alentejo (CEBAL), incidiu na sequenciação do primeiro genoma do sobreiro a nível mundial. Como resultado da investigação realizada neste contexto, a primeira versão do genoma e uma versão melhorada do mesmo foram publicadas em 2018 [1] e 2023 [2], respetivamente. Em paralelo, em 2014, foi estabelecida uma população de sobreiros com características únicas em Portugal. Esta resultou de um processo delicado e demorado com a seleção de progenitores avaliados ao longo de vários anos pela sua elevada qualidade de cortiça e capacidade reprodutiva, seguido do processo de cruzamentos controlados, em que as flores das árvores-mães foram inicialmente protegidas com sacos específicos de polinização, que permitem apenas a passagem do ar (evitando a entrada de pólen desconhecido), e polinizadas mais tarde com pólen recolhido e testado em laboratório dos progenitores masculinos [3]. Como resultado deste trabalho obtiveram-se cerca de 280 sobreiros, que foram propagados e mantidos nos Viveiros de Santo Isidro, em Pegões, até à sua plantação no terreno estatal da Herdade da Abóbada, no concelho de Serpa, dando assim origem à primeira população F1 de sobreiros portuguesa.

Sendo o sobreiro uma espécie com um longo ciclo de vida em que determinadas características, como a qualidade da cortiça só são verdadeiramente conhecidas depois da 2ª tiragem de cortiça, ou seja, depois dos 34 anos, torna-se bastante aliciante o recurso a marcadores baseados no ADN para seleção precoce de indivíduos com características de interesse.

Esta população F1 é um recurso genético único de auxílio a um programa de melhoramento de sobreiro nacional, e que vai permitir estudar a genética de várias características importantes em sobreiro, como os processos envolvidos na formação e na qualidade da cortiça ou de tolerância a fatores adversos, num contexto de alterações climáticas. Adicionalmente, irá ser a base para a criação de um mapa genético que irá facilitar a identificação de regiões genómicas associadas a características produtivas de interesse, para num futuro podermos desenvolver sobreiros mais adaptados e produtivos com recurso a ferramentas de seleção genómica. No contexto do projeto SOS_PRODEHESA_MONTADO, o CEBAL pretende explorar ferramentas genómicas para identificação de potenciais marcadores moleculares a partir desta população F1 de sobreiros, tal como propagar vegetativamente estes indivíduos com características fenotípicas de valor acrescentado e isentas de agentes patogénicos, por métodos tradicionais e também inovadores de cultura *in vitro*, como a embriogénese somática, de forma a constituir populações de árvores mais produtivas e resilientes.

Referências

1. Ramos, A. M., Usié, A., Barbosa, P., Barros, P. M., Capote, T., Chaves, I., Simões, F., Abreu, I., Carrasquinho, I., Faro, C., Guimarães, J. B., Mendonça, D., Nóbrega, F., Rodrigues, L., Saibo, N. J. M., Varela, M. C., Egas, C., Matos, J., Miguel, C. M., ... Gonçalves, S. (2018, May 22). *The draft genome sequence of Cork Oak*. Nature News. <https://www.nature.com/articles/sdata201869>
2. Usié, A., Serra, O., Barros, P. M., Barbosa, P., Leão, C., Capote, T., Almeida, T., Rodrigues, L., Carrasquinho, I., Guimarães, J. B., Mendonça, D., Nóbrega, F., Egas, C., Chaves, I., Abreu,

* <https://www.cebal.pt/>

⁴ <http://www.cebal.pt/index.php/servicos/37-genosuber-project/42-genosuber-informacao-geral>

I. A., Saibo, N. J. M., Marum, L., Varela, M. C., Matos, J., ... Ramos, A. M. (2023, November 18). *An improved reference genome and first organelle genomes of Quercus suber - tree genetics & genomes*. SpringerLink. <https://link.springer.com/article/10.1007/s11295-023-01624-8>

3. Varela, M. C. (2014, September 5). *Controlled pollination in Cork Oak (Quercus suber L.) to support its genome sequencing project genosuber*. Academia.edu. https://www.academia.edu/8208644/Controlled_pollination_in_cork_oak_Quercus_suber_L_to_support_its_genome_sequencing_project_GENOSuber

Projeto inovador visa fortalecer o setor florestal português através do melhoramento genético e da conservação de espécies-chave

LUÍS LEAL

*Altri**

O projeto Melhoramento genético e materiais florestais de reprodução, integrado na Agenda transForm⁵, está focado em realizar avanços significativos nos atuais programas de melhoramento de duas espécies importantes no setor florestal português: o pinheiro-bravo e o eucalipto. Para isso, centra-se na melhoria dos critérios de seleção, nomeadamente resiliência às alterações climáticas e tolerância a pragas e doenças, no desenvolvimento de novos clones e sementes com ganhos genéticos significativos, e de melhores protocolos de produção de plantas melhoradas, aumentando o potencial de produção e disseminação para mercado de plantas de elevado valor económico e maior rusticidade ambiental.

Outra vertente importante do projeto é a conservação genética e recuperação de ecossistemas, com particular destaque para algumas das árvores mais

ameaçadas em Portugal, como os carvalhos autóctones, ulmeiros e espécies arbóreas associadas. Nesse sentido, estão a desenvolver-se esforços para aumentar o conhecimento da respetiva dispersão no território, ecologia e estatuto de conservação. Por fim, está previsto o desenvolvimento de estratégias de reprodução em viveiros, por via seminal ou vegetativa, e medidas de preservação *in situ* e *ex situ* da sua diversidade.

A Agenda transForm, financiada pelo Plano de Recuperação e Resiliência (PRR) e Fundos Europeus NextGeneration EU, resulta de um esforço colaborativo ambicioso entre 56 entidades para reforçar o papel da floresta para o objetivo da neutralidade de carbono, inovar nas práticas de circularidade e resiliência nas cadeias de valor florestais, e impulsionar a transformação digital das cadeias de valor de base florestal.

* <https://altri.pt/pt>

⁵ <https://transform.forestwise.pt/agenda/>

PROGEN – Programa Operacional da Administração Pública para a Conservação e Melhoramento dos Recursos Genéticos Florestais

CRISTINA SANTOS, ANA ALMEIDA e JOSÉ MANUEL RODRIGUES

ICNF, I.P.- Instituto da Conservação da Natureza e das Florestas*

O Programa Operacional da Administração Pública para a Conservação e o Melhoramento dos Recursos Genéticos Florestais (PROGEN), elaborado em 2015 pelo ICNF e pelo INIAV, visa promover a conservação *ex situ* e *in situ* de espécies florestais e arbustivas raras, ameaçadas, social e economicamente relevantes, e fomentar o melhoramento dos recursos genéticos florestais, assim como divulgar os resultados.

O PROGEN identificou um conjunto de espécies florestais, como sejam o pinheiro-bravo, o pinheiro-manso, o sobreiro, o castanheiro, e ainda outras espécies, como o ulmeiro, o eucalipto, o freixo, o zimbro-oxícedro, a sabina-da-praia, o choupo, o medronheiro e o pinheiro-silvestre.

Este programa, destinado a apoiar as ações financiadas no PDR2020, define a tipologia de ações e as atividades a desenvolver, garantindo a consolidação do conhecimento já alcançado e a identificação e a caracterização de novos recursos genéticos florestais.

Em 2019, com a publicação da Portaria n.º 232/2019⁶, de acordo com a verba disponível, foi possível iniciar a implementação do PROGEN, estabelecendo-se o financiamento de algumas das suas ações e atividades e dando-se a oportunidade de dar continuidade a trabalhos em curso, nomeadamente para o pinheiro-bravo, pinheiro-manso e sobreiro e de apoiar novas ações para o zimbro-oxícedro e para a camarinha.

O ICNF, enquanto gestor de um património florestal relevante de áreas públicas, tem assegurado a permanência de alguns ensaios genéticos, parques e pomares de clones, que constituem uma reserva importante em recursos genéticos para as diferentes espécies florestais, permitindo a obtenção de resultados, que no âmbito florestal requerem décadas.

Por este facto, o ICNF, em conjunto com outras entidades parceiras, participa em 4 projetos:

- PDR2020-785-063761 – Pinheiro-manso (*Pinus pinea* L.);
- PDR2020-785-063762 – Pinheiro-bravo (*Pinus pinaster* Ait.);
- PDR2020-785-063781- SAVE OXYCEDRUS – Zimbro-oxícedro. (*Juniperus oxycedrus* L.);
- PDR2020-785-063788 - SuberGEN+ – Sobreiro (*Quercus suber* L.).

As principais atividades comuns aos 4 projetos são:

- Manutenção de ensaios e pomares, instalação de novos campos experimentais. Atividades desenvolvidas sob orientação do INIAV e da UTAD – Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro;
- Prospeção de populações de conservação genética *in situ* e *ex situ*. Atividades desenvolvidas em colaboração com o INIAV e a UTAD;

* <https://www.icnf.pt/>

⁶ Estabelece a operação 7.8.5: Conservação e melhoramento dos recursos genéticos florestais: <https://diariodarepublica.pt/dr/detalhe/portaria/232-2019-123436959>

- Melhoria da capacidade produtiva de materiais florestais de reprodução (MFR) das unidades de aprovação do Catálogo Nacional de Materiais de Base (CNMB) e registo de novas unidades de aprovação. Atividade exclusiva do ICNF;
- Transferência de conhecimento através da produção de material técnico e didático (desdobráveis e/ou manuais, sistemas de informação para sistematização e divulgação da informação dos resultados alcançados). Atividades desenvolvidas sob orientação do INIAV e da UTAD.

Ao longo de um período de três anos de dedicação aos projetos em execução, os objetivos primordiais do ICNF manifestam-se nos seguintes resultados esperados:

- i. Instalação de novas estruturas físicas de investigação e experimentação e, manutenção das existentes para o pinheiro-bravo, pinheiro-manso, sobreiro e zimbro, em colaboração com o INIAV e a UTAD;
- ii. Inscrição de cinco povoamentos de pinheiro-bravo e um do pinheiro-manso no CNMB e identificação de seis povoamentos/bosquetes de zimbro para colheita de MFR;
- iii. Melhoria das condições silvícolas dos povoamentos/unidades de aprovação do CNMB envolvidos nos projetos, procedendo ao controlo da vegetação espontânea e à remoção de árvores mortas;
- iv. Colheita e caracterização de sementes pelo Centro Nacional de Sementes Florestais (CENASEF), em todos os povoamentos envolvidos nos projetos.

Releva-se a importância desta linha de financiamento para a consolidação dos trabalhos de investi-

gação florestal em curso, bem como para o desenvolvimento de novas iniciativas. Este suporte financeiro assume um papel fundamental na capacidade de adaptação das florestas diante dos desafios impostos pelas alterações climáticas e pelas questões fitossanitárias, ao mesmo tempo que estimula a utilização eficaz dos recursos e serviços que emanam destes preciosos ecossistemas.

Torna-se necessário aumentar, no próximo quadro comunitário de apoio, nomeadamente no PEPAC para Portugal no período 2023-2027, os montantes alocados à conservação e melhoramento dos recursos genéticos florestais para que se prossigam as atividades suportadas pela Operação 7.8.5 - Conservação e melhoramento dos recursos genéticos florestais do PDR2020 e possam ser abrangidas mais espécies florestais que integram o PROGEN. Este documento enquadrador deverá ser atualizado com base na experiência da implementação da Operação 7.8.5.

É ainda imperativo ressaltar as complexidades inerentes à demonstração da execução financeira das atividades realizadas pelo ICNF, com recurso a meios próprios, nomeadamente as relativas à instalação e gestão de povoamentos reprodutores de MFR. Nesse contexto, a adoção de custos simplificados, previamente estabelecidos, pode constituir uma abordagem eficaz para contornar essa situação desafiadora. Em conclusão, os recursos genéticos constituem um importante património de variabilidade genética, desempenhando um papel crucial na manutenção de florestas saudáveis e ricas em diversidade.

Dar continuidade à investigação e experimentação florestal reflete o compromisso de uma sociedade ambientalmente consciente e evoluída.

Melhoramento genético de plantas no INIAV-Elvas: Obtenção de variedades

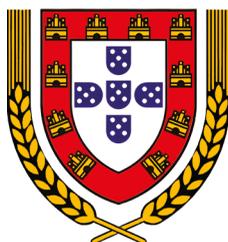
BENVINDO MAÇÃS, RITA COSTA, TERESA CARITA, GRAÇA PEREIRA, ANTÓNIO MANUEL CORDEIRO, ANA SOFIA BAGULHO, NUNO SIMÕES, JOÃO PAULO CARNEIRO, CARLA INÉS, ISABEL DUARTE, FERNANDA SIMÕES, TERESA CARVALHO, NUNO PINHEIRO, CONCEIÇÃO GOMES, ARMINDO COSTA, CARINA BARCELOS, MANUELA MENESES, CÁTIA NUNES, JOSÉ PRAGANA

*Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária (INIAV)**



O INIAV é um Laboratório de Estado de referência, com a missão de investigar e resolver problemas concretos na área agrícola, florestal e animal bem como na conservação e utilização dos recursos genéticos vegetais e animais. O seu polo localizado em Elvas, a conhecida Estação de Melhoramento de Plantas, foi estruturada, desde sempre, com um cariz eminentemente prático, procurando contribuir para o desenvolvimento e aplicação do conhecimento científico no melhoramento genético vegetal e na obtenção de novas variedades, visando parcerias com empresas, associações empresariais e agricultores, e trabalhando para responder aos desafios apresentados.

O melhoramento genético possibilita a criação de novas variedades ajustadas às condições agro-sócio-económicas dos diferentes sistemas de produção. O



"...UT SEMEN OPTIMUM HABEAT"

processo de melhoramento de plantas convencional é longo, dinâmico e dispendioso, sendo necessários cerca de 12 anos para a obtenção de uma nova variedade. É uma estratégia eficiente para aumentar a capacidade de adaptação dos sistemas agrícolas às alterações climáticas.

Além disso, é muito provável que, no futuro, a necessidade de variedades melhoradas aumente devido às crescentes restrições ao uso de produtos fitofarmacêuticos, fertilizantes e outros fatores de produção. O seu sucesso depende diretamente da variabilidade da população original e da capacidade do melhorador para aumentar, combinar e selecionar essa variabilidade.

A investigação realizada no INIAV-Elvas procura encontrar, testar e desenvolver, transversalmente a todas as culturas, germoplasma considerado superior pela produtividade, estabilidade de produção, qualidade alimentar (alimentação humana ou animal), resistência às principais doenças e pragas pre-

* <https://www.iniaav.pt/>

valecentes e adaptação às condições agroclimáticas das regiões com ambiente mediterrâneo.

Desenvolve uma abordagem integrada dos sistemas de agricultura que se centram nas cadeias de valor dos cereais de outono/inverno, arroz, proteaginosas/leguminosas-grão, pastagens, forragens e olival com dois objetivos principais: o desenvolvimento de germoplasma com adaptação agronómica e tecnológica às condições do Mediterrâneo e a aquisição de conhecimento em áreas científicas complementares ao melhoramento genético, visando a melhor compreensão dos mecanismos genéticos e ecofisiológicos que regulam o comportamento e a adaptação das plantas ao ambiente. Deste último, destacam-se a utilização de novas ferramentas de genotipagem e fenotipagem de elevado débito, que acrescentam valor aos programas de melhoramento convencional ao permitirem uma seleção mais dirigida para a identificação de características de interesse.

Numa visão integrativa, são considerados cinco sistemas de agricultura em que se enquadram as espécies anteriormente mencionadas e respetivas cadeias de valor:

1. Sistemas de agricultura extensivos com predomínio da produção vegetal desenvolvidos em solos com elevada capacidade produtiva e com possibilidade de regadio suplementar

Estes sistemas permitem a introdução de técnicas e práticas agronómicas de intensificação sustentável baseada na rotação de culturas e envolvem os cereais de outono/inverno (trigo mole, trigo duro e cevada), as proteaginosas/leguminosas-grão (grão-de-bico), as oleaginosas (colza, girassol) e as forragens de qualidade (misturas de gramíneas e leguminosas).

Para estes sistemas exigem-se variedades com elevado potencial genético de produção e qualidade, capazes de responder à melhoria das condições de produção. Nesta linha, o INIAV tem registadas no Catálogo Nacional de Variedades (CNV) as variedades de trigo mole: Paiva e Reno; de trigo duro: Bridão,

Fado, Gingão, Vadio; de triticales: Fronteira e Gavião; de grão-de-bico: Elvar, Elixir, Eldorado, Eladir, Electra, Eleia, Elfo e Elipse; de ervilhaca-vermelha: Fontainhas e Lage; de ervilhaca-dos-cachos-roxos: Amoreiras e Casal; de ervilhaca-vulgar: Barril, Gil Vaz e Piedade; de bersim: Belém; de trevo-vesiculoso: Lança e de trevo-da-pérsia-das-flores-grandes: Maral e Resal.

2. Sistemas de agricultura extensivos de carácter misto (produção vegetal e produção animal) desenvolvidos em solos com menor capacidade produtiva e em condições de sequeiro

Estes são sistemas em que a regularidade de produção e a diferenciação se apresentam como objetivos primordiais onde por vezes é necessário sacrificar o potencial genético de produção para melhorar a estabilidade das produções e a adaptação às condições existentes. A seleção de materiais é aqui conduzida alternadamente em condições favoráveis e desfavoráveis, visando a identificação de genótipos com elevada regularidade de produção e com qualidade diferenciada, quer de grão quer de biomassa.

A heterogeneidade de condições que é possível encontrar ao longo dos territórios nacionais onde se desenvolvem estes sistemas condiciona a interação genótipo x ambiente que é avaliada através de ensaios multilocais REA (Rede de Ensaios de Adaptação). Isto torna possível a identificação de genótipos com interação positiva, com resultados médios superiores e que se aproximam do potencial dos locais.

O carácter integrado da produção animal em regime extensivo com a produção de cereais e proteaginosas/leguminosas-grão e ainda forragens que asseguram silagem, fenossilagem, feno, palha e restolho, obriga à seleção de espécies e variedades com adaptação a esse regime. Neste sistema, consideram-se o trigo mole, triticales e aveia como cereais, a faveta, tremoço, tremocilha, chícharo, ervilha forrageira e grão-de-bico preto como proteaginosas, e misturas forrageiras com base em triticales, aveia e leguminosas forrageiras, para integrarem rotações de duração mais longa atendendo à fertilidade dos solos.

Relativamente ao trigo, as variedades de trigo mole Almansor e Roxo ocupam uma área significativa deste sistema pelas suas apreciáveis características de qualidade. Num conceito de qualidade diferenciada, hábitos de consumo e procura pelos consumidores, as variedades de conservação Pirana e Preto Amarelo, e o Barbelinha (população Barbela) têm sido bastante utilizadas.

No caso do triticales, é pelas suas características de rusticidade que é utilizado no sistema como cereal de dupla aptidão. São exemplos as variedades Alter e Monsaraz que integram a rotação como cereal para produção de grão, ou as variedades Fronteira e Gavião que mostram maior aptidão para produção de forragem. Estas últimas, de ciclo mais longo, podem ser semeadas logo às primeiras chuvas, em outubro ou princípio de novembro, e possuem capacidade de assegurar o pastoreio ainda durante o inverno. Salienta-se que esta capacidade existe porque estas variedades foram previamente estudadas e selecionadas por apresentarem crescimento inicial rápido.

Nos sistemas mistos, onde a sustentabilidade económica da produção animal constitui um objetivo primordial, o facto de se poder dispor de “erva” durante o inverno, quando as pastagens têm um desenvolvimento reduzido, evita a distribuição de outras fontes de alimento normalmente mais dispendiosas. O programa de melhoramento de triticales nos últimos 20 anos, tem recorrido a introgressão de genes de vernalização e de resposta ao fotoperíodo, por cruzamento de triticales de hábito de primavera com triticales de hábito de inverno provenientes de programas de melhoramento da Europa e Canadá. Assim, as novas variedades têm capacidade para acumular elevada biomassa no inverno e ao mesmo tempo são capazes de recrescer após o pastoreio. Em corte único constituem uma excelente opção para silagem, fenossilagem ou feno (Pinheiro *et al*, 2019).

A utilização de proteaginosas/leguminosas para grão é fundamental para a sustentabilidade destes sistemas e garantia de capacidade de transição para a agroecologia, o que poderá, em simultâneo, assegurar a ocupação dos territórios e explorar o carácter

multidimensional da agricultura como provedora de alimentos e serviços ecossistémicos de grande valor para toda a sociedade. A produção destas espécies contribui, de facto, para reduzir a dependência da importação de fontes proteicas, nomeadamente para a alimentação animal, ao mesmo tempo que assegura a racionalidade do sistema através do efeito nos solos e na biodiversidade. O melhoramento de leguminosas é conduzido tendo em conta as exigências agronómicas de adaptação das diferentes espécies: faveta, grão-de-bico e ervilha, para solos com pH próximo da neutralidade, e tremçoço, tremocilha e chícharo, para solos com pH mais baixo.

Estes programas de melhoramento têm desenvolvido variedades com adaptação e capacidade produtiva ajustada ao potencial dos territórios. Para este sistema, o INIAV-Elvas obteve variedades como Favel (faveta), Estoril e Giribita (tremçoço), Acos e Cardiga (tremocilha), Grão-da-comenda e Grão-da-gramicha (chícharo), Eribel, Pixel e Grisel (ervilha-forrageira) e, Elite e Elmo (grão-de-bico preto).

Igualmente relevante para este sistema está a produção de forragens para conservação (silagem, fenossilagem e feno). Assim, acrescenta-se a aveia às espécies já mencionadas para o sistema anterior pelas suas características de qualidade e adaptabilidade. As variedades Sta. Eulália, Sta. Rita, Sto. Aleixo e Boa-fé têm assumido grande relevância. Duas novas variedades de aveia estão atualmente em processo de registo no CNV.

3. Sistemas de produção de arroz

No contexto da agricultura nacional, o arroz ocupa cerca de 30 000 ha, caracterizados por um ecossistema específico nas bacias do rio Mondego, Tejo, Sorraia e Sado, predominando o modo da cultura em alagamento permanente das parcelas.

Em 2003, após cerca de 20 anos de interrupção, o INIAV teve a responsabilidade de reiniciar o programa de melhoramento do arroz. Com a colaboração do ITQB NOVA - Instituto de Tecnologia Química e Biológica António Xavier e o envolvimento da ex-DRAP Centro, foram retomados os trabalhos de melhora-

mento no COTARROZ – Salvaterra de Magos. Trata-se de um programa de investigação com financiamento público e privado (agentes da fileira) coordenado pelo INIAV.

Durante os primeiros anos, foram realizados cruzamentos artificiais envolvendo os materiais da coleção inicial e linhas ou variedades modernas provenientes de outros programas de melhoramento, nomeadamente de Itália, que se constituiu a principal origem das variedades cultivadas em Portugal. Durante mais de três décadas a variedade italiana Ariete dominou a cultura do arroz em Portugal, revelando a dificuldade de renovação varietal por falta de investimento em melhoramento para as exigências específicas – agronómicas e tecnológicas do país.

Tornava-se por isso, necessário dispor de um programa que possibilitasse a seleção de materiais, quer para corresponder às condições nacionais, quer para assegurar o fluxo de novas variedades que possam reduzir a vulnerabilidade em caso de aparecimento de novas doenças ou pragas e que, ao mesmo tempo, respondam à evolução dos setores comerciais e às exigências dos consumidores. O foco do programa de melhoramento centra-se no arroz tipo japónica, mais adequado às condições do clima temperado e está dirigido para a identificação de variedades classificadas como arroz “carolino”.

Atualmente, as preferências dos consumidores apontam para variedades de outros tipos de arroz, especificamente agulha e até aromáticos. Já foram obtidas e registadas no CNV 4 variedades de arroz fruto do melhoramento em Portugal: Ceres, Diana e Caravela (do tipo carolino) e Maçarico (do tipo agulha).

4. Sistemas de pecuária extensiva onde os animais permanecem todo o ano dependendo das pastagens permanentes

Este tipo de sistema ocupa atualmente mais de 50% da Superfície Agrícola Utilizada (SAU), sendo a pecuária extensiva um setor económico importante que contribui decisivamente para a manutenção do território e ambiente rurais em quase todo o país. A sustentabilidade da produção passa pelo aumento

da produtividade das pastagens e pela redução dos custos de produção. Estes aspetos estão relacionados com a capacidade de o sistema produzir alimentos para os animais a custos competitivos. Nesse aspeto, o melhor comportamento das pastagens (no sentido de *improvement*) apresenta-se como fator decisivo, uma vez que dos cerca de 2 milhões de ha dedicados a pastagem, mais de 70% pode ser classificada como pastagens pobres.

Em algumas condições, a introdução de novas espécies (variedades) pode traduzir-se em insucesso devido a várias causas, nomeadamente, problemas relacionados com a fertilidade dos solos (Almeida *et al*, 2014). É frequente a existência, em alguns solos, de toxicidade para as plantas, provocada pelo excesso de alumínio e/ou desequilíbrios na proporção magnésio/manganês. Muitos destes solos apresentam também teores de fósforo muito baixos. Nessas condições, a correção da toxicidade e a aplicação de adubação fosfatada pode conduzir ao aumento da produção da pastagem e concomitantemente ao aumento do teor de matéria orgânica dos solos, melhorando a sua fertilidade e os serviços ambientais deste ecossistema.

Além das características de produtividade e fatores de utilização pelos efetivos pecuários (componentes da fibra, digestibilidade e proteína), a persistência das variedades, no sentido de permanecerem na pastagem durante vários anos, é um dos principais critérios de seleção, só avaliado em ensaios onde se introduzam animais, demonstrando o caráter de longa duração dos programas de melhoramento.

Para a condução dos programas de melhoramento genético das espécies de leguminosas e gramíneas, a introduzir nas misturas de pastagens biodiversas, é absolutamente necessário entender as dinâmicas descritas acima e conduzir a seleção baseada em critérios rigorosos que tenham em conta as potencialidades e limitações impostas pelo ambiente (solos e clima).

A base genética que constitui as coleções de materiais utilizados nestes programas é larga e foi recolhida em diversas situações e condições ambientais

do território nacional e em zonas similares da bacia mediterrânica. Pode dizer-se que a variabilidade natural ainda está a alimentar os programas, nomeadamente no caso de espécies autógâmicas como é o caso do trevo-subterrâneo ou das serradelas. Relativamente às espécies alogâmicas (leguminosas e gramíneas) são seguidos esquemas de melhoramento baseados em materiais igualmente recolhidos na natureza e seguindo o método de seleção massal durante 6 a 9 anos até ser obtida uma população estável. As plantas crescem em isolamento para evitar a fecundação cruzada.

Na sequência da execução dos programas de melhoramento de leguminosas e gramíneas pratenses, o INIAV-Elvas tem inscritas no CNV as variedades Arga (biserrula), Lentisca (carrapiço), Revilheira (Luzerna-debarril), Atalaia (luzerna-doliata), Ara (serradela), Cetus (serradela-brava), Davel, Romel, D. Pedro, D. Dinis e D. Sancho (trevo-subterrâneo), Enigma (trevo-rosa), Mamede (trevo-da-pérsia), Ariel (festuca-alta) e Delta1 (Panasco). Em fase de candidatura estão ainda variedades de cada um dos seguintes trevos anuais: bersim, trevo-istmocarpó e trevo-aglomerado.

5. Sistemas de produção de olival

O olival tem uma enorme importância nas regiões com características mediterrânicas, existindo em plena produção um número muito elevado de materiais autóctones. No INIAV-Elvas, estabeleceu-se em 2012 a Coleção Portuguesa de Referência de Oliveira, com o objetivo de preservar e estudar a diversidade intra e intervietal. A caracterização morfológica e molecular tem permitido a identificação primária das variedades autóctones, sendo o INIAV o proponente pela inscrição de 65 variedades no Registo Nacional de Variedades Fruteiras.

O Programa de Melhoramento Genético da Oliveira por Hibridação teve o seu início em 2003. Na criação de diversidade genética tem sido utilizada a polinização livre e a polinização controlada. Após a germinação e a forçagem do crescimento, as plântulas são, individualmente, avaliadas e selecionadas nomeadamente pelo rendimento em gordura e a entrada

em produção. Na etapa seguinte, os melhores génotipos são avaliados em olival intensivo e em olival em sebe conjuntamente com os progenitores. Na etapa final do processo de seleção, onde já se encontram os melhores da primeira geração, os candidatos são cultivados em olival comercial para confirmar a sua *performance* agronómica.

Em resumo, conclui-se que a forma de organização dos programas de melhoramento das distintas culturas/espécies que são dinamizados pelo INIAV-Elvas tem permitido traçar objetivos específicos de acordo com as características das espécies e com os fins a que se destinam, marcando um carácter dinâmico em que, em cada ciclo de crescimento, se encontram todas as fases do processo, ou seja, (i) criação de nova variabilidade genética, (ii) seleção de materiais segregantes contemplando essencialmente características de heritabilidade alta, (iii) seleção massal em populações naturais, (iv) avaliação de características quantitativas, como produtividade, qualidade, adaptação, persistência e outras, ocupando anualmente mais de 25 000 parcelas. Estima-se que, por cada nova variedade inscrita no CNV tenham sido observadas 10 000 novas linhas e recolhidos mais de 100 000 dados referentes a esses materiais o que revela o carácter absorvente desta atividade.

Para as variedades inscritas e em processo de comercialização, o INIAV-Elvas é ainda responsável pela seleção de manutenção dessas variedades, no sentido de garantir a sua homogeneidade e estabilidade (obrigação imposta pela DGAV - Direção-Geral de Alimentação e Veterinária). Por fim, a produção de semente de categoria pré-base (primeira categoria de semente certificada) ocupa anualmente cerca de 30 ha onde as parcelas de multiplicação são rigorosamente acompanhadas. A semente colhida é processada em instalações próprias e sujeita a certificação pelo mesmo serviço oficial. As sementes desta categoria são fornecidas às empresas detentoras dos direitos de exclusividade que as multiplicam e comercializam, obrigando-se a pagar *royalties* sobre a quantidade de semente vendida.

As equipas do INIAV-Elvas assumem ainda a inclusão nos programas de melhoramento de atividades

de caráter transversal, que visam a introdução de novas abordagens, nomeadamente, a introdução de ferramentas baseadas nas tecnologias moleculares que permitem a aplicação de seleção genómica nos programas de melhoramento genético. Com a integração destas novas ferramentas está-se a iniciar um processo que pode proporcionar o aumento de ganho genético por ciclo de melhoramento, por ser mais dirigido, designadamente por proporcionar a seleção/previsão de *performance* assistida por marcadores moleculares de progenitores e respetiva progenia.

É reconhecido que a região mediterrânica se constitui como um *hot spot* para as alterações climáticas: o aumento das temperaturas ou a redução da disponibilidade de água que afeta drasticamente a produtividade da atividade agrícola pode acontecer 20% mais rapidamente que a média global. Os cenários apontam para a ocorrência mais frequente de eventos extremos, tais como situações de encharcamento dos solos, incêndios ou ondas de calor. A adoção de estratégias de adaptação tais como, alteração de datas de sementeira, melhoria da eficiência do uso dos recursos só será possível através do recurso a programas de melhoramento genético que possam

selecionar novas variedades com comportamento mais ajustado às condições agroclimáticas previstas pelos diferentes cenários.

Por estes motivos, as atividades dos diversos programas de melhoramento que decorrem no INIAV assumem importância extrema na situação atual. A resiliência da agricultura depende da adaptação das espécies/variedades aos novos cenários. E é nesse contexto que a Estação de Melhoramento de Plantas do INIAV assume mais do que nunca a sua missão original e fundamental: o melhoramento de variedades que assegure a segurança alimentar e a transição para a agroecologia.

Bibliografia

- Almeida, J.P.F., Alberto D., Maças B. (2014). Portuguese annual Mediterranean pastures: an economic approach to understand sown pastures failure. Options Méditerranéennes: Série A. Séminaires Méditerranéens, n. 109: 599-602.
- Pinheiro, N., Coutinho, J., Gomes, C., Costa, R., Almeida, A.S., Coco, J., Costa, A., Bagulho, A.S., Moreira, J., Maças, B. (2019). Triticale. Uma cultura com duplo interesse. Voz do Campo 225, Agrociência, VI-VII.

A contribuição do BPGV para o desenho contemporâneo da agricultura e alimentação

ANA MARIA BARATA, CARLOS GASPAR, FILOMENA ROCHA, ISABEL SILVA, MADALENA VAZ, OCTÁVIO SERRA e VIOLETA LOPES

*Banco Português de Germoplasma Vegetal (BPGV), Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária I.P. (INIAV)**

Os sistemas alimentares em todo o mundo passaram de sistemas rurais para sistemas industrializados. No entanto, a perda de biodiversidade e de agrobiodiversidade, juntamente com a degradação ambiental, levou a um aumento da desigualdade nas e entre as comunidades. A acessibilidade económica de uma dieta recomendada tem melhorado ao longo do tempo, mas a atual transição do sistema alimentar está longe de ser uma transformação consistente, que garanta o bem-estar humano e o desenvolvimento sustentável, com implicações positivas na saúde, na diminuição da desigualdade, na mitigação da degradação ambiental e da emissão de gases com efeito de estufa. Outros elementos da realidade do sistema alimentar são: o fenómeno nefasto do desperdício e o facto de as cadeias de abastecimento serem homogéneas e afastadas dos operadores agroalimentares associados à agricultura familiar.

O crescimento populacional mundial exige mais alimentos, maior produção, maiores rendimentos. Em simultâneo, está a ocorrer a perda de superfície arável e existem maiores desafios ambientais. Devido a estes fatores, os sistemas agrícolas vão sofrendo modificações e as principais culturas que foram o foco dos melhoradores atingem os patamares

máximos dos seus rendimentos, o que determina a necessidade urgente da sustentabilidade dos sistemas produtivos.

Portugal, considerado como tendo um sistema alimentar em modernização, em transição entre o rural e o agroindustrial, reserva aspetos socioeconómicos, culturais e ambientais das comunidades, sobretudo em territórios de baixa densidade, ainda enraizados nas práticas tradicionais e na dependência do ambiente natural. Porém, o país tem a população concentrada no litoral onde a alimentação com pendur da transformação e processamento tem forte presença com as vantagens e desvantagens associadas a essa modernização.

Fundamental para a resiliência dos sistemas alimentares é o nível de biodiversidade em que se baseia a produção alimentar, sustentado pelo número de recursos genéticos vegetais (RGV) e animais conservados para utilização na alimentação.

Tendo este mote de vanguarda, pretende-se dar continuidade e atualizar o testemunho de mais de 40 anos do BPGV na conservação dos RGV.

* <https://www.iniaiv.pt/bpgv>

1. Recursos Genéticos Vegetais no mundo

O longo caminho dos RGV desde os anos 50 do século passado chegou aos dias de hoje enriquecido de conceções, convenções, declarações e assinaturas, numa estratégia que tem por objetivo preservar o legado para as gerações futuras (Figura 1). O Acordo Internacional sobre Recursos Genéticos Vegetais para a Alimentação e a Agricultura foi aprovado em 1983 pela Conferência da Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO). Portugal é parte na Convenção sobre a Diversidade Biológica das Nações Unidas (CBD, na sigla inglesa), assinada a 13 de junho de 1992, no Rio de Janeiro. O Tratado Internacional sobre os Recursos Fitogenéticos para a Alimentação e a Agricultura (ITPGRFA, na sigla inglesa), da FAO, foi adotado e aberto à assinatura em Roma a 3 de novembro de 2001, tendo sido assinado por Portugal a 6 de junho de 2002.

disposições do Tratado relativas aos "direitos dos agricultores".

A UE e os seus Estados-Membros são partes contratantes neste Tratado Internacional, que estabelece um sistema mundial para facultar aos agricultores, aos obtentores e aos cientistas o acesso a material fitogenético para a alimentação e a agricultura e visa assegurar, através de um sistema multilateral de acesso e de partilha de benefícios, que os beneficiários partilhem os proveitos que retiram da utilização desse material fitogenético com os países dos quais o mesmo é originário.

Apesar dos compromissos assumidos em 2010, a biodiversidade continuou a diminuir na última década. Para prevenir, travar e inverter a degradação dos ecossistemas em todo o mundo, a ONU lançou a Década da Restauração dos Ecossistemas (2021-2030).

Figura 1 – Os principais referenciais dos Recursos Genéticos Vegetais no mundo



Em 2017, o Conselho da União Europeia adotou conclusões que definem a posição da UE tendo em vista o ITPGRFA. As conclusões centram-se nalguns dos temas mais importantes, a saber o papel dos recursos fitogenéticos para a alimentação e a agricultura na implementação da Agenda 2030 para o Desenvolvimento Sustentável.

Nas conclusões, o Conselho sublinhou o importante contributo dos agricultores e das comunidades locais para a conservação e o desenvolvimento dos recursos fitogenéticos, bem como a importância das

Este plano de ação é coordenado a nível mundial através do órgão diretivo da Convenção sobre a Diversidade Biológica (CBD, na sigla inglesa) e responde a um apelo dos cientistas, como o articulado no Relatório Especial sobre as Alterações Climáticas e a Terra, do Painel Intergovernamental sobre as Alterações Climáticas (IPCC), nas Convenções do Rio sobre as Alterações Climáticas e a Biodiversidade e na Convenção das Nações Unidas de Combate à Desertificação.

Figura 2 – As organizações influentes na Europa e momentos estratégicos na Europa e em Portugal



Desde aproximadamente a viragem do século XX, foram disponibilizadas muitas novas tecnologias e conhecimentos científicos, incluindo a genética molecular e a genómica, a fenotipagem, a informática e a bioinformática, bem como as tecnologias de comunicação. Estas tecnologias e os conhecimentos científicos delas resultantes revolucionaram as possibilidades de compreender melhor a diversidade genética das culturas e de melhorar a sua conservação, tendo facilitado a utilização dos Recursos Fitogenéticos para a Alimentação e a Agricultura (PGRFA, na sigla inglesa).

O caminho atrás referido foi encetado no mundo e na Europa, como mostra a Figura 2, e Portugal foi sempre parte neste trajeto.

A Estratégia de Biodiversidade para 2030, publicada em maio de 2020 pela UE, visa colocar a biodiversidade da Europa no caminho da recuperação, até essa data, para benefício das pessoas, do planeta e do clima. No quadro dos compromissos e medidas, constam aquelas que apontam para o combate à sobre-exploração dos recursos biológicos. Foi assu-

mida como o modelo da UE na Cimeira da Biodiversidade da ONU, em 2021. E foi adotada conjuntamente com a Estratégia do Prado ao Prato e com o Pacto Ecológico Europeu.

A Estratégia de Recursos Genéticos para a Europa, validada pelas três redes europeias de recursos genéticos, ECPGR¹, ERF² e EUFORGEN³, constitui um quadro para alcançar a mudança necessária de modo a garantir de forma permanente e sustentável a conservação e utilização dos recursos genéticos na Europa, bem como para consolidar as relações entre os países, a fim de reforçar a resiliência da agricultura e da silvicultura na região, através de uma conservação e utilização mais eficazes e eficientes destes recursos.

2. Os Recursos Genéticos Vegetais de Portugal no mundo

Os bancos de germoplasma são responsáveis pela colheita, conservação, caracterização, avaliação, documentação e distribuição de recursos genéticos vegetais a nível mundial para fins de investigação, educação e melhoramento. Atualmente, existem

¹ Programa Colaborativo Europeu para os RGV: <https://www.ecpgr.cgiar.org/about/overview>

² Ponto Focal Regional Europeu para os Recursos Genéticos Animais: <https://www.animalgeneticresources.net/index.php/about-erfp/>

³ Programa Europeu de Recursos Genéticos Florestais: <https://www.euforgen.org/about-us/overview/>

cerca de 7,4 milhões de acessos de germoplasma conservados *ex situ* em bancos de genes em todo o mundo. A utilização eficiente do germoplasma no melhoramento das culturas depende da disponibilidade de informação ao nível do acesso sobre as características de interesse.

A FAO, através da respetiva Comissão para os Recursos Genéticos, solicita aos países que apresentem relatórios periódicos sobre a conservação e utilização sustentável dos recursos fitogenéticos a nível nacional, incluindo dados sobre a conservação *in situ*, a conservação *ex situ*, a utilização sustentável e o reforço das capacidades. O segundo relatório sobre a situação dos recursos fitogenéticos mundiais para a alimentação e a agricultura foi divulgado em 26 de outubro de 2010 e está em preparação a divulgação do terceiro relatório com o ponto de situação para o período 2012-2019.

Portugal está no grupo de 9 países que colheram germoplasma de mais de 150 espécies, tem uma das maiores coleções de café, e está na liderança do grupo de 13 países que possuem quase 11 mil acessos em coleções de campo. Está ainda no grupo de 29 países que registaram e divulgaram 523 variedades locais (*landraces*), das quais 49% no período de 2018-2019.

O INIAV é a instituição em Portugal com mandato nos recursos genéticos animais, vegetais e florestais. Assume um papel central no domínio da promoção e da conservação dos recursos genéticos nacionais, através da criação e manutenção de coleções vivas e de bancos nacionais de germoplasma: Banco Português de Germoplasma Animal; Coleções nacionais de referência: videiras (coleção ampelográfica nacional), oliveiras e fruteiras; Campos de conservação de recursos genéticos conservados *ex situ* nas áreas de distribuição das principais espécies florestais; e ainda seis coleções, que constituem os Recursos Genéticos Microbianos do INIAV, agrupadas na designada *Agronomic, Veterinary and Food Microbial Culture*

Collections (AVFMCC), bem como o Banco Português de Germoplasma Vegetal. São estes responsáveis e pontos focais nacionais que têm a missão de representar o país nessa Comissão e de elaborar o relatório nacional para a FAO, incluindo a informação de todas as entidades do país com coleções de recursos genéticos. O BPGV tem esta incumbência com respeito aos RGV nacionais.

Em Portugal, a informação sobre os RGV portugueses está acessível e operacional na plataforma Grin-Global⁴. A informação sobre o acervo conservado no país em condições de segurança enriquece a base de dados europeia *European Search Catalogue for Plant Genetic Resources* (EURISCO)⁵. O EURISCO, por sua vez, fornece informação ao GENESYS, o portal global de informações sobre PGRFA⁶.

A plataforma Grin-Global, estando também implementada em outros países europeus e no mundo, disponibiliza o inventário nacional dos RGV e providencia os dados obtidos na caracterização e avaliação do acervo conservado do país.

Duplicação da coleção

Para além da informação referida, os RGV do país estão também disponíveis no mundo através da vertente da segurança global. Esta dimensão concretiza-se pela existência de duplicados conservados noutros bancos de germoplasma nacionais, mas sobretudo pelo depósito de duplicados no Banco Mundial de Sementes de Svalbard.

O Svalbard Global Seed Vault é o maior banco para sementes do mundo, foi construído na localidade de Longyearbyen, na Noruega, e iniciou a sua atividade em 2008. Portugal expediu em 2018 para este banco mundial 217 acessos de sementes de milho, duplicados da coleção portuguesa, representando a primeira missão de colheita de germoplasma realizada em 1977 no nosso país e ainda a coleção europeia desta mesma espécie.

⁴ <http://bpgv.iniaiv.pt/gringlobal/>

⁵ <https://eurisco.ipk-gatersleben.de/>

⁶ <https://www.genesys-pgr.org/>

Até à data, estão 1 054 acessos nacionais conservados em Svalbard, correspondendo a quatro culturas: 787 acessos de milho (*Zea mays* L.), 92 acessos de trigo (*Triticum* spp.), 161 acessos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e 14 acessos de feijão-frade (*Vigna unguiculata* L.). Estão ainda em preparação para ser enviados cerca de meio milhão de acessos.

3. Os Recursos Genéticos Vegetais de Portugal na agricultura e alimentação

Contributos para estratégias nacionais

Implementação de políticas e ações de políticas de apoio

As medidas do Programa de Desenvolvimento Rural 2014-2020 (PDR2020) de apoio à conservação e melhoramento dos RGV possibilitaram o enriquecimento da estratégia de melhoramento nacional, tendo a conservação como garante da estabilidade e disponibilidade de fontes de variabilidade genética.

Iniciativas relacionadas diretamente com a agricultura

O acervo conservado no BPGV tem contribuído para as estratégias da investigação com potencial agroindustrial e para a experimentação na produção agrícola. O impacto deriva dos programas nacionais de melhoramento coordenados pelo INIAV I.P., de que são exemplos, o trigo, o arroz, o grão-de-bico, as pastagens, entre outros, e é mensurável no volume de variedades inscritas no Catálogo Nacional de Variedades (CNV).

Também o Instituto Politécnico de Portalegre inscreveu três variedades de coentro no CNV, em 2024, desenvolvidas no quadro de vários projetos. O BPGV conserva o material biológico original que está na base deste programa de melhoramento. A situação reproduz-se para outros programas nacionais de melhoramento, objetivamente com a obtenção de novas variedades de feijão-frade, grão-de-bico, arroz, e na criação de variabilidade genética para assegurar a continuação desses programas.

Desenvolvimento de capacidades institucionais e humanas sustentáveis

A existência do Plano Nacional para os RGV facilitou a consolidação da rede de trabalho entre pares com responsabilidade na conservação dos recursos vegetais nacionais.

A consolidação da Plataforma Grin-Global com o inventário nacional permitiu, além do enriquecimento em espécies, também a diversificação do leque de características e atributos, estando em curso o plano de introdução de dados moleculares, bioquímicos e nutricionais.

Em paralelo, as metodologias de conservação *in vitro* e criopreservação no BPGV deram passos no sentido da consistência metodológica a aplicar na coleção nacional de fruteiras, na coleção nacional de variedades tradicionais de alho, lúpulo e outras espécies de propagação vegetativa.

A caracterização com recurso à ferramenta de digitalização de imagens (*Tomato Analyzer, ImageJ program*), a partir de 2017, contribuiu para a metodologia de fenotipagem das coleções, permitindo analisar, determinar ou modelar crescimentos do fenótipo das plantas em observação. O conhecimento dessas características é um processo vital em programas de melhoramento de culturas que com este aporte podem acelerar resultados. Gera também um volume de dados que podem constituir matrizes-padrão para reconhecer as variedades tradicionais em estratégias de valorização, afins de DOP, IGP, rastreabilidade, etc. A ferramenta de digitalização de imagens foi aplicada na caracterização da coleção de tomate, pimento, cenoura silvestre e espécies pratenses de prados naturais.

Visando a informatização desta atividade de caracterização, desde 2020 concretizou-se a digitalização com a adaptação da aplicação *FIELD BOOK*, utilizada regularmente no melhoramento e com origem nos EUA, e recurso a *tablets* para o registo de dados em formato digital diretamente no campo. Esta abordagem traz inúmeras vantagens para a atividade de

caracterização, nomeadamente a possibilidade de fazer registos fotográficos associados à informação que está a ser recolhida, a redução de erros de escrita na recolha de dados e a possibilidade de exportação dos dados para computador de forma instantânea.

Propondo-se ao progresso da atividade de conservação de sementes, onde a avaliação da condição da semente é a garantia da conservação, introduziu-se recentemente uma tecnologia emergente com recurso ao equipamento *Videometer* (Figura 3). Trata-se de um instrumento inovador, orientado com inteligência artificial, que, através de imagens multiespectrais, disponibiliza informações sobre a semente, nomeadamente a sua viabilidade, sem destruição.

Figura 3 – Videometer: utilização de imagens multiespectrais para a análise da pureza, classificação, determinação do estado sanitário e germinação das sementes



Parcerias nacionais

O contributo de parceiros da academia foi fundamental para o incremento da capacitação institucional, sendo os projetos conjuntos os instrumentos e os veículos para esse propósito.

O impacto na academia tem sido um caminho de crescimento e fortalecimento. Regista-se que a investigação com suporte nas coleções conservadas no BPGV com intercâmbio de amostras e de acessos, e com participação direta ou não de elementos da equipa, é uma realidade presente. Os principais resultados são os seguintes:

- Amplificação dos parâmetros avaliados – a dinâmica de avaliação dos óleos essenciais na coleção de plantas aromáticas e medicinais (PAM) acelerou e iniciaram-se as avaliações de bioativos fenólicos e da atividade biológica; na coleção de brássicas retomou-se o estudo de glucosinolatos e compostos fenóis e polifenóis; na coleção de *Daucus* sp. (cenoura selvagem) foi realizado um estudo preliminar sobre óleos essenciais e compostos fenólicos. A coleção de campo de lúpulo foi avaliada para marcadores moleculares de polimorfismo de nucleótido único (SNP, na sigla inglesa). Deu-se início a metodologia da biologia molecular com as coleções de pimento, tomate e cebola. Foi igualmente possível dar continuidade à atividade de caracterização com marcadores moleculares microssatélites, estendendo a outras coleções – brássicas, centeio e orégão.
- Amplificação da intervenção no grupo de espécies conservadas – atividade sistemática de criopreservação para a conservação da coleção de fruteiras nacionais e de variedades tradicionais de alho em criocoleções; espécies parentes silvestres das espécies cultivadas (CWR, na sigla inglesa) de *Diplotaxis* spp. e *Brassica* spp. constituíram uma coleção core correlacionada com a resistência ao míldio, e através de culturas de tecidos foi intervencionado o povoamento de oliveira-brava, um endemismo madeirense, *Olea maderensis* (Lowe) Rivas Mart. & del Arco, no arquipélago.

Colaborações europeias

No período 2014-2023, Portugal mantém-se como membro do Programa Colaborativo Europeu sobre Recursos Genéticos Vegetais (ECPGR⁷), contribuindo ativamente para o seu funcionamento. O ECPGR representa a primeira rede neste domínio na Europa, está ativa desde 1980 e inclui todos os países europeus. Os projetos com participação do BPGV, via grupos de trabalho e AEGIS⁷ (a iniciativa do ECPGR que tem por objetivo conservar de forma eficiente

⁷ Sistema Integrado de Bancos de Genes Europeus: <https://www.ecpgr.cgiar.org/aegis/>

e proporcionar o acesso ao germoplasma único na Europa através do estabelecimento da Coleção Europeia), tem sido diversificada, contabilizando 13 projetos nos últimos 10 anos.

A rede ECPGR EVA⁸, criada em 2019 também no seio do ECPGR, é constituída por várias parcerias público-privadas de empresas de melhoramento, institutos de investigação e bancos de germoplasma de toda a Europa. A missão é avaliar a diversidade das culturas existentes nas coleções europeias, recolher dados e disponibilizá-los gratuitamente aos programas de melhoramento públicos e privados. A rede EVA é de importância estratégica para a Europa e constitui uma oportunidade para promover a utilização sustentável dos RGV, a fim de facilitar a adaptação da agricultura europeia às alterações climáticas e contribuir para a consecução dos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) da ONU.

No âmbito da EVA, o BPGV está a participar nas redes *EVA Carrot* (cenoura), *EVA Legumes* (leguminosas grão), *EVA Pepper* (pimentos) e *EVA Maize* (milho).

Projetos europeus recentes

Entre 2017 e 2023, O BPGV esteve também envolvido em projetos financiados pela União Europeia. Os projetos europeus *Farmer's Pride*⁹ e *Liveseed*¹⁰, do Horizon 2020 e, ainda em curso, o projeto PRO-GRACE¹¹ (...) do Horizon Europe.

Financiado pelo Interreg-Sudoe, três projetos: SOS Praderas¹² -; Fleurs Locales¹³.

Sob a égide do Svalbard Global Seed Vault, está igualmente em curso um projeto sobre o estudo da

longevidade da semente por 100 anos, que considera várias espécies vegetais e cinco países no mundo, entre eles, o Brasil e a Tailândia; no caso de Portugal, são as variedades de milho.

4. Ação do BPGV no ecossistema dos Recursos Genéticos Vegetais pós-2020

A conservação dos parentes silvestres das espécies cultivadas (CWR), fontes de variabilidade genética e de alelos para resistências a agentes bióticos e abióticos, está no topo dos objetivos dos bancos de germoplasma no mundo e o BPGV está enquadrado nesta tendência. O BPGV conserva significativa coleção deste material biológico distribuído por um vasto leque de espécies do grupo das pastagens, dos cereais e das crucíferas. Atualmente, estão conservados em condições de segurança e estabilidade 976 CWR de cereais, 557 CWR de leguminosas grão e 2285 CWR de espécies pratenses e forrageiras.

A Lista Vermelha de Espécies Ameaçadas da União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN) é amplamente reconhecida como a abordagem abrangente e objetiva para avaliação do estado de conservação de espécies vegetais e animais à escala global. Nas coleções conservadas no BPGV, em termos de número de acessos de espécies ameaçadas, as dominantes são o grupo das forragens e pastagens, das PAM, das leguminosas grão e o dos cereais.

No ecossistema dos RGV europeus está em análise a criação de uma infraestrutura de investigação dedicada à conservação, gestão e estudo destes importantes recursos. O acima referido projeto PRO-GRACE, com o BPGV como parceiro, tem o propósito de lançar as bases dessa infraestrutura.

⁸ <https://www.ecpgr.cgiar.org/eva/about-eva>

⁹ Criação de redes, parcerias e instrumentos para melhorar a conservação *in situ* dos recursos fitogenéticos europeus: <https://more.bham.ac.uk/farmerspride/>

¹⁰ Melhorar o desempenho da agricultura biológica através da promoção das sementes biológicas e dos esforços de melhoramento vegetal em toda a Europa: <https://www.liveseed.eu/>

¹¹ Promover uma comunidade de recursos fitogenéticos para a Europa: <https://www.grace-ri.eu/pro-grace>

¹² Voltando atrás para alcançar o futuro – modernização do manejo tradicional dos prados de feno em direção à rentabilidade e à conservação da natureza: <https://www.sospraderas.eu/pt-pt/>

¹³ Cadeias de restauração da biodiversidade por sementes autóctones em vinhas, agrossistemas e zonas naturais do Mediterrâneo: <https://fleurslocales.eu/pt/home-pt/>

Em paralelo, no ano 2023, o Comité Diretivo do ECPGR deu o seu apoio à criação de uma rede de gestores de bancos de germoplasma europeus, com o objetivo de reforçar a gestão dos bancos de germoplasma através do intercâmbio de conhecimentos, cooperação e respetiva capacitação, incluindo os vários aspetos associados à liderança e gestão de um banco de genes.

5. Ação do BPGV na sustentabilidade do ecossistema agroalimentar – valorização dos recursos endógenos

No quadro da valorização dos recursos endógenos, majorada pela participação em cadeias curtas de abastecimento e com foco nas variedades tradicionais portuguesas, o BPGV é um ativo em várias parcerias. Tem parcerias sólidas com agentes de desenvolvimento de territórios, com destaque para a ATAHCA¹⁴, Cooperativa dos Arcos de Valdevez, freguesia de Sistelo, Incubo¹⁵, e Laboratórios Colaborativos - MORE, Food4Sustainability, entre outros.

Presentemente, esta estratégia é suportada por dois financiamentos, com o propósito da construção de sistemas alimentares territoriais sustentáveis e resilientes:

O projeto de cooperação transnacional denominado *Sistemas Alimentares Locais* (SAL) é constituído por uma parceria dos grupos de ação local que integra, além da ATAHCA, os parceiros nacionais (ADREPES¹⁶, A2S¹⁷, LEADER OESTE¹⁸, PINHAL MAIOR¹⁹, ADL²⁰) e um internacional (ADAPPA²¹ – S. Tomé e Príncipe). Neste contexto, o BPGV tem realizado ações de capacitação e apoio à valorização dos recursos em cada um destes territórios.

E, integrado no Programa Nacional para a Alimentação Equilibrada e Sustentável (PNAES), o projeto *Cávado ... Com Sabor*²² (...). O território abrangido é o Cávado (Amares, Barcelos, Braga, Esposende, Terras de Bouro e Vila Verde) e projeto pretende sensibilizar a comunidade deste território para as questões da alimentação sustentável, da dieta mediterrânica e do combate ao desperdício alimentar. O BPGV apoia as atividades e as dinâmicas desenvolvidas no projeto.

No quadro do Plano de Recuperação e Resiliência (PRR), a iniciativa Revitalização das zonas rurais o projeto *Interior+23* (...) aspira a criar uma Região Modelo de promoção e valorização da sustentabilidade e dos produtos tradicionais endógenos. Visa promover a partilha e difusão do conhecimento, o estabelecimento de redes de inovação e de criatividade, com grande foco na pequena produção, na agricultura familiar, no contributo e condições das mulheres agricultoras, nos jovens agricultores e nos jovens empresários rurais, e na articulação com as escolas profissionais e entidades com responsabilidades na formação profissional.

6. O acervo do BPGV hoje

O acervo conservado no BPGV é resultado de missões de colheita de germoplasma no território nacional, em áreas naturais, junto do agricultor familiar e em território internacional. É também resultado de entradas de material genético de outras instituições nacionais e internacionais, resultando na consolidação das coleções conservadas. Exemplo disso é a fusão da coleção conservada anteriormente no INIAV Oeiras com a coleção do BPGV. Encontram-se ainda conservadas as linhas obtidas nos programas nacionais de melhoramento.

¹⁴ ATAHCA – Associação de Desenvolvimento das Terras Altas do Homem, Cávado e Ave: <https://atahca.pt/>

¹⁵ InCubo – Incubadora de Iniciativas Empresariais Inovadoras, Arcos de Valdevez: <https://www.incubo.eu/>

¹⁶ ADREPES – Associação para o Desenvolvimento Rural da Península de Setúbal

¹⁷ A2S – Associação para o Desenvolvimento Sustentável da Região Saloia

¹⁸ LEADEROESTE – Associação de Desenvolvimento Rural

¹⁹ Pinhal Maior – Associação de Desenvolvimento do Pinhal Interior Sul

²⁰ ADL – Associação de Desenvolvimento do Litoral Alentejano

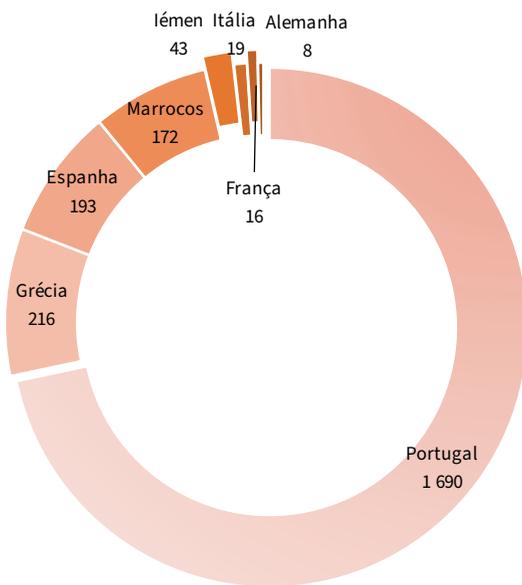
²¹ ADAPPA Ação para o Desenvolvimento Agropecuário e Proteção do Ambiente

²² <https://cavadocomsabor.atahca.pt>

²³ <https://interiormais.pt/>

Em particular, destaca-se o acervo conservado relativo a outras geografias e ao ecossistema ambiental de grande proximidade com a realidade portuguesa. Portugal tem uma localização com forte impacto das características positivas e negativas associadas ao Mediterrâneo (Figura 4). Neste contexto, apresentam-se de seguida outros números e um ponto de situação global após 2017.

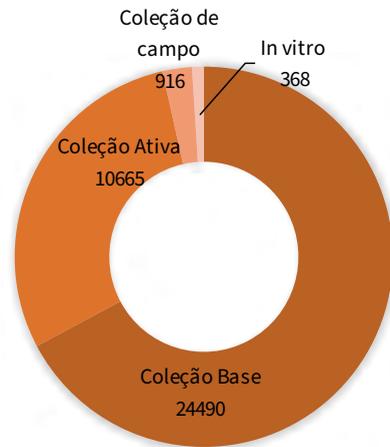
Figura 4 – Coleção Mediterrânica de Milho: países representados na coleção de germoplasma



Sobre as tipologias de conservação, que são as recomendadas para todos os bancos de germoplasma (Figura 5), há coleções que estão conservadas recorrendo a duas técnicas diferentes, por questões de segurança: *in vitro* (cultura de tecidos) e em coleção de campo (propágulos vegetativos instalados em campo). Estas coleções são de material biológico que não pode ser conservado por semente. Em desenvolvimento e crescimento está a criocoleção, atualmente com 40 entradas. Os protocolos a aplicar nesta tipologia de conservação estão ainda em consolidação.

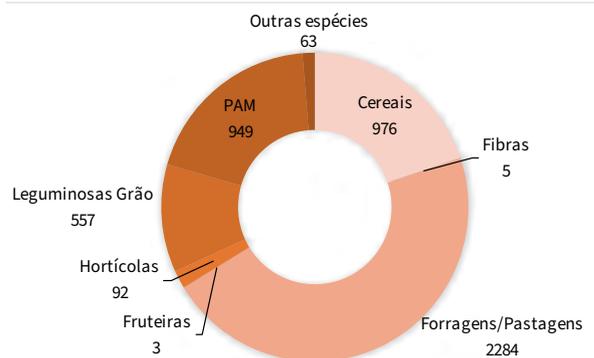
As espécies que se propagam por semente são conservadas em coleções de médio prazo, ou ativa, e de longo prazo, ou de base, que diferem igualmente nas condições de conservação: a primeira com uma temperatura de 0 a 5°C e a segunda com uma temperatura de -18°C.

Figura 5 – Número de acessos conservados nas diferentes tipologias de conservação



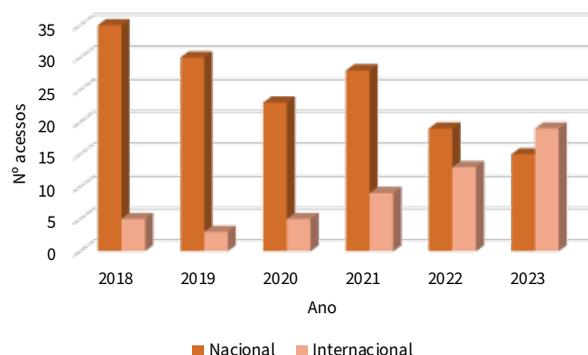
Na dinâmica atual da importância dos bancos de germoplasma e respetiva valorização, assume um papel de relevo o conhecimento sobre os parentes silvestres das espécies cultivadas, como já referido anteriormente. Os CWR são considerados fontes de variabilidade genética para obtenção de resistências a agentes bióticos e abióticos. O BPGV tem conservado um significativo acervo, como mostrado na Figura 6. No mundo da conservação de RGV, esta categoria de material biológico está numa curva ascendente no conhecimento sobre a sua distribuição nos ecossistemas, as exigências que apresentam para a conservação *ex situ* e o valor genético que encerram em si, com aplicações na solução de diversos desafios.

Figura 6 – Parentes silvestres das espécies cultivadas (CWR) conservados no BPGV, por grupo de espécies



A Figura 7 mostra a dinâmica do intercâmbio do BPGV, sendo esta atividade dos bancos de germo-

Figura 7 – Intercâmbio nacional e internacional, entre os anos 2018 e 2023



plasma muito valorizada. Significa que, a jusante, a investigação, o melhoramento e a educação estão a ser mais sábios na utilização destes recursos, no país e no mundo. Entre 2018 e 2023, foram rececionados 54 pedidos de instituições internacionais e 150 de instituições nacionais.

Os bancos de germoplasma têm sido mais procurados pelo potencial da informação que reúnem. São fortemente incentivados a aprofundar essa informação e conhecimento diversificado sobre as suas coleções. Hoje, o interesse para a solução de problemas alimentares, agrícolas, ambientais e até na proposta de produtos inovadores, impõe aos bancos uma assertiva e polivalente caracterização do acervo.

Como descrito, o BPGV tem dado passos nesse caminho e tem disponível informação importante para a adaptação e mitigação às alterações climáticas, que se obtém pela realização da caracterização agromorfológica. Do total de material conservado no BPGV, cerca de 25% da coleção está caracterizada morfológicamente. Esforços têm sido desenvolvidos para a realização de caracterização química e molecular nas diferentes coleções conservadas.

7. Perspetivas para o futuro

- Incentivar e consolidar as parcerias nacionais e internacionais.
- Divulgar o potencial que o acervo do BPGV encerra para as mais diversas áreas e ativida-

des económicas, com foco na agricultura e alimentação.

- Crescer nos meios logísticos, em recursos humanos e na capacitação para conduzir a estratégia e a missão do BPGV.
- Aprofundar o conhecimento sobre os resultados do diagnóstico das principais lacunas na estratégia de desenvolvimento da conservação dos RGV portugueses.

Fontes

- Barata AM, Rocha F, Reis A, Lopes VR. *O Banco Português de Germoplasma Vegetal e a conservação dos recursos genéticos em Portugal* AGRORRURAL: CONTRIBUTOS CIENTÍFICOS, Instituto Nacional de Recursos Biológicos, I P e Imprensa Nacional-Casa da Moeda, S A, ed. Paula S Coelho, Pedro Reis Cap. V - Ecofisiologia, recursos genéticos e melhoramento de plantas, 2011, pp. 964-974; Imprensa Nacional-Casa da Moeda, S A, ISBN: 978-972-27-2022-9 DOI:10.13140/2.1.2738.0809
- A.M. Barata, C. Gaspar, F. Rocha, V. Lopes. *Banco Português de Germoplasma Vegetal – 40 anos de conservação dos recursos genéticos em Portugal*, Secção II – Observatório, *CULTIVAR, Cadernos de Análise e Prospetiva*. n.º 8 junho de 2017, Edição: Gabinete de Planeamento, Políticas e Administração Geral (GPP), Lisboa, pp. 85-90.
- INRB. *Recursos genéticos vegetais para a alimentação e agricultura em Portugal II* Relatório nacional das atividades de conservação e utilização sustentável dos recursos genéticos vegetais, Instituto Nacional de Recursos Biológicos, L-INIA, Oeiras, 2008, pp. 61.
- INIAV. *Plano Nacional para os Recursos Genéticos Vegetais* Ministério da Agricultura e do Mar, 2015, pp. 30.
- GenRes Bridge Project Consortium, ECPGR, ERF and EUFORGEN. *Genetic Resources Strategy for Europe*. European Forest Institute. 2021. ISBN 978-952-7426-44-9.
- Nguyen, G.N., Norton, S.L. Genebank Phenomics: A Strategic Approach to Enhance Value and Utilization of Crop Germplasm. *Plants* 2020, 9, 817. <https://doi.org/10.3390/plants9070817>
- Xia, Y., Xu, Y., Li, J., Zhang, C., Fan, S. Recent advances in emerging techniques for non-destructive detection of seed viability: A review. *Artif. Intell. Agric.* 2019, 1, 35–47.
- Zhang, J., Fang, W., Xu, C., Xiong, A., Zhang, M., Goebel, R., Bo, G. Current Optical Sensing Applications in Seeds Vigor Determination. *Agronomy* 2023, 13, 1167. <https://doi.org/10.3390/agronomy13041167>

CULTIVAR

S.m. Botânica. **QUALQUER VARIEDADE VEGETAL CULTIVADA, SEJA QUAL FOR SUA NATUREZA GENÉTICA.**

AgroBioTech – Estudo de aplicação da biotecnologia na agricultura, alimentação e floresta em Portugal

JOÃO MARQUES

Gabinete de Planeamento, Políticas e Administração Geral (GPP)

Referência

TÍTULO: AgroBioTech – Estudo de aplicação da biotecnologia na agricultura, alimentação e floresta em Portugal

COORDENAÇÃO: CAP – Confederação dos Agricultores de Portugal e P-BIO – Associação Portuguesa de Bioindústria

TIPO DE DOCUMENTO: Estudo

LOCALIZAÇÃO DO DOCUMENTO: <https://www.cap.pt/estudo-agrobiotech>

NÚMERO DE PÁGINAS: 46

DATA DE PUBLICAÇÃO: Dezembro de 2023

Palavras-chave: biotecnologia, bioeconomia, Novas Técnicas Genómicas (NTG), setor biotecnológico em Portugal, desafios

Contexto do estudo

Começando por referir que a produção agrícola mundial terá de aumentar 70% entre 2005 e 2050 e adaptar-se às alterações climáticas, o estudo salienta que a biotecnologia reúne um conjunto de ferramentas capazes de aumentar a produtividade, melhorar a qualidade dos alimentos e reduzir o impacto ambiental do setor. As duas entidades coordenadoras estabeleceram uma parceria para impulsionar o desenvolvimento e a incorporação de inovação biotecnológica e, nesse âmbito, produziram este estudo

sobre a aplicação e a utilização da biotecnologia nos setores agrícola, agroalimentar e florestal, procurando mapear os principais atores, bem como caracterizar as soluções, iniciativas, produtos, modelos de negócio, barreiras e oportunidades de inovação.

Partindo da definição de biotecnologia da OCDE, considerada a mais consensual: “*a aplicação da ciência e tecnologia aos organismos vivos, bem como às suas partes, produtos e modelos, de forma a alterar materiais vivos ou não vivos para a produção de conhecimento, bens e serviços*”, definição esta que abrange toda a biotecnologia moderna, mas igualmente as atividades tradicionais, o estudo apresenta uma lista indicativa, não exaustiva mas de qualquer modo bastante extensa, de termos biotecnológicos.

Biotecnologia e bioeconomia

Salienta-se o contributo relevante da biotecnologia para o novo modelo económico da bioeconomia e para o cumprimento do roteiro para a União concretizado no Pacto Ecológico Europeu, em particular, na Estratégia do Prado ao Prato. Apresentam-se diversas especialidades da biotecnologia, como: a bioinformática, o melhoramento genético por seleção e cruzamento, a transferência de genes para criar Organismos Geneticamente Modificados (OGM), as Novas Técnicas Genómicas (NTG), a biologia sintética e a fermentação de precisão, os trabalhos sobre o microbioma, os biopesticidas, os biofertilizantes, os bioestimulantes, as ferramentas de diagnóstico molecular, as proteínas alternativas (biomassa microbiana, insetos e algas), a valorização de recursos endógenos e as biorrefinarias. Refere-se também a assunção, pela União Europeia, do princípio de precaução face à tecnologia dos OGM, salientando-se ainda que as NTG, sendo ferramentas inovadoras e diferenciadas das usadas para a produção dos OGM, deverão obter, a curto prazo, a aprovação do seu uso na UE.

O sector biotecnológico em Portugal

A biotecnologia em Portugal reúne uma centena de empresas, mais de 600 trabalhadores, em geral, jovens e qualificados, sendo o setor responsável pelo maior número de pedidos de registo de direitos de patentes e marcas registadas.

Para conhecer melhor esta realidade, a implementação do estudo AgroBioTech iniciou-se com a realização de um inquérito visando mapear e caracterizar estas empresas. O inquérito abrangeu 22 empresas, concentradas na faixa litoral de Setúbal a Viana do Castelo, com uma ampla gama de soluções e forte incorporação de Investigação e Desenvolvimento (I&D), incluindo um conjunto de produtos e serviços de elevado valor acrescentado e muito inovadores (sendo apresentadas duas listas de exemplos, uma de produtos, outra de serviços). Sobre as limitações que estas empresas enfrentam são realçados os elevados investimentos necessários, os ciclos de desenvolvimento muito longos, as políticas públicas

desajustadas e a regulamentação restritiva/burocrática, bem como o desconhecimento da existência de soluções biotecnológicas.

No que se refere aos desafios mais vastos que se colocam, destacam-se: o aumento da produtividade e diversificação da produção agrícola futura (atendendo ao crescimento populacional, à alteração de hábitos de consumo e à necessidade de rentabilidade dessa produção); as alterações climáticas; as alterações demográficas (incluindo a dificuldade de acesso a mão de obra e a desertificação / abandono da atividade agrícola); a necessidade de preservação ambiental; o aumento dos preços da energia; a disrupção das cadeias globais de abastecimento e o desafio transversal do desenvolvimento tecnológico e da inovação.

O estudo apresenta ainda o resultado de um processo de discussão por meio de seis grupos focais regionais (Trás-os-Montes, Alto Minho, Entre Douro e Minho, Centro, Ribatejo e Oeste e Alentejo), englobando diversos atores da cadeia de valor. Este processo deu origem a matrizes SWOT, com as principais Forças (*Strengths*), Fraquezas (*Weaknesses*), Oportunidades (*Opportunities*) e Ameaças (*Threats*) relativas à inovação biotecnológica e com a identificação das prioridades para promover uma maior incorporação da inovação no setor.

O estudo mostra as diversas matrizes obtidas e as principais prioridades identificadas em cada região, concluindo com a indicação dos quatro desafios transversais a todo o território nacional:

Literacia e sensibilização: há ainda um grande desconhecimento sobre as várias ferramentas biotecnológicas no setor produtivo, ao nível do consumidor final e da sociedade em geral;

Capacitação e transferência de tecnologia: há barreiras a ultrapassar, é necessária organização da produção, capacitação dos técnicos, etc.;

Legislação, regulamentação e certificação: tem havido um esforço por parte da governança em melhorar os processos administrativos e

reduzir a burocracia; no entanto, são necessárias mais agilidade e flexibilidade na regulamentação, sendo importante sensibilizar os decisores políticos e promover o diálogo e a colaboração entre estes, a investigação e a produção;

Financiamento: há dificuldade de acesso ao financiamento, nomeadamente público, além de ser necessário ajustar os mecanismos de

financiamento existentes, atendendo aos longos períodos de desenvolvimento das tecnologias e de validação através de ensaios de campo.

Em suma, este documento sintetiza bem o que é a biotecnologia, a sua importância na resolução dos problemas globais da humanidade, a atual situação do seu desenvolvimento em Portugal, e quais os desafios à incorporação da inovação no setor.

Novas técnicas genómicas – Revisão do estado da arte

ANA RITA MOURA E CAROLINA CARVALHO

Gabinete de Planeamento, Políticas e Administração Geral (GPP)

Referência

TÍTULO: New Genomic Techniques – State-of-the-art review

AUTORES: Broothaerts, W., Jacchia, S., Angers, A., Petrillo, M., Querci, M., Savini, C., Van den Eede, G. e Emons, H.

EDITOR: JRC – Centro Comum de Investigação, Comissão Europeia

TIPO DE DOCUMENTO: Relatório técnico

LOCALIZAÇÃO DO DOCUMENTO: <https://data.europa.eu/doi/10.2760/710056>

IDIOMA: Inglês

NÚMERO DE PÁGINAS: 100

DATA DE EDIÇÃO: 2021

Palavras-chave: Novas Técnicas Genómicas (NTG); CRISPR-Cas9; edição de genes; gene; genoma; nucleótido; mutação; ADN; ARN; genética; epigenética

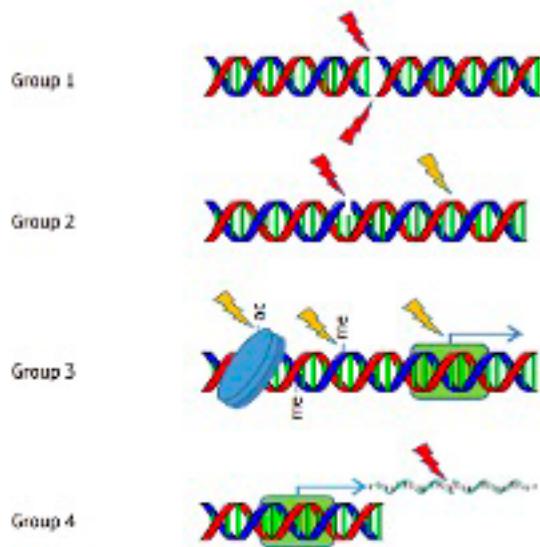
O presente relatório (revisão bibliográfica conduzida pelo JRC a pedido da DG SANTE/COM) encontra-se estruturado em vários capítulos, com destaque para o Capítulo 3 (informação metodológica), o Capítulo 4 (classificação e características gerais das Novas Técnicas Genómicas – NTG¹) e os Capítulos 5 a 8 que incluem uma descrição detalhada dos 4 principais

grupos de NTG desenvolvidos nos últimos 20 anos (baseados no tipo de interações com o genoma²):

- Capítulo 5. **Grupo 1** – Edição de genes que envolve cortes nas duas cadeias de ADN (*DSB*);
- Capítulo 6. **Grupo 2** – Edição de genes que não envolve cortes nas duas cadeias de ADN;
- Capítulo 7. **Grupo 3** – Edição que induz alterações no epigenoma;
- Capítulo 8. **Grupo 4** – Edição de ARN direcionado/guia.

¹ O relatório define técnicas genómicas como “técnicas capazes de alterar o material genético de um organismo”, identificando a diferença entre Técnicas Genómicas Estabelecidas (EGT/TGE), anteriores à publicação da Diretiva 2001/18/CE (ver Nota 3) e Novas Técnicas Genómicas (NGT/NTG), desenvolvidas após a publicação desta Diretiva. (p.7)

² “Todos os organismos vivos possuem um genoma composto por sequências de nucleótidos sob a forma de ADN ou ARN. O genoma de uma espécie não é caracterizado por uma sequência fixa de nucleótidos, mas sim por uma estrutura de sequência com milhões de variações de sequência que surgem em diferentes indivíduos pertencentes à mesma espécie.” (p.3)



Para cada uma das técnicas aqui referidas são apresentadas sete subsecções organizadas da seguinte forma: introdução/enquadramento da NTG, mecanismo de ação, modificações induzidas (alterações do material genético que podem ser induzidas pela NTG), resultados das modificações, organismos-alvo (exemplos do tipo de organismos aos quais a NTG pode ser aplicada), potenciais efeitos secundários gerados pelas NTG e limitações e lacunas no conhecimento.

Enquadramento

As variações genéticas surgem de forma natural através da ocorrência de mutações, que podem conduzir a adaptações dos organismos a novas condições ambientais, onde os organismos mais aptos são capazes de evoluir por meio de um processo de seleção natural.

Com a agricultura, os seres humanos começaram a selecionar e a combinar as espécies que consideravam mais interessantes para cultivar ou domesticar, introduzindo novas variações genéticas. Contudo, foi apenas no início do século XX que os princípios da hereditariedade genética começaram a ser conhecidos e utilizados no melhoramento de plantas e animais. Por exemplo, observou-se que quanto maior

a distância entre duas espécies cruzadas, menor a probabilidade de gerarem sementes. Esta foi uma das descobertas que conduziu ao desenvolvimento, em 1925, de uma técnica *in vitro* para resgatar embriões inerentemente fracos, imaturos ou híbridos (e.g. técnica usada no melhoramento de uvas sem sementes).

Três anos mais tarde, em 1928, foi introduzida uma técnica que consistia na indução de mutações aleatórias em plantas de cultivo e na observação dos efeitos gerados. Deste modo, foi na década de 1950 que se superou a primeira barreira (ou fronteira), quando foi utilizada a técnica de jardinagem atômica que se baseava na utilização de sementes expostas a radiação para a indução de mutações.

Ou seja, para além das mutações naturais (seleção e cruzamento natural), passou a ser possível originar mutações aleatórias (indução física e química de mutações aleatórias), que geravam um grande número de mutações numa única geração. Assim, através da indução física e química de mutações aleatórias, tornou-se possível a gestação de novos indivíduos de forma não natural.

Uma segunda fronteira foi ultrapassada nos anos 70, quando o material genético de um organismo passou a poder ser integrado num organismo não relacionado (recombinação de ADN), ou seja, às mutações naturais e às mutações aleatórias na mesma espécie, seguiu-se a possibilidade de recombinação de material genético de espécies diferentes.

Assim, a superação destas duas fronteiras serviu de base à legislação europeia sobre OGM – Organismos Geneticamente Modificados, definidos como “qualquer organismo, com exceção do ser humano, cujo material genético tenha sido modificado de uma forma que não ocorre naturalmente por meio de cruzamentos e/ou recombinação natural”.³

Por conseguinte, nos últimos 20 anos, a biologia molecular avançou muito, apresentando progressos na área da tecnologia de sequenciamento de ADN e de ferramentas de análise bioinformática. Com estes

³ Diretiva 2001/18/CE do Parlamento Europeu e do Conselho, de 12 de Março de 2001 (artigo 2.º (2)): <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/PT/TXT/?uri=CELEX%3A32001L0018>

avanços, é possível gerar novas variações genéticas, por exemplo, através da cópia de uma sequência de nucleótidos de um gene de um organismo para outro da mesma espécie, com vista a melhorar algumas características e transferi-las à descendência: aumento de produtividade, resposta a uma doença, resistência à falta de água, defesa contra a presença de uma praga, etc.

Algumas diferenças em relação às técnicas anteriores são o maior grau de precisão ao nível da manipulação do material genético e o menor tempo necessário para a obtenção dos organismos desejados.

Capítulo 3 – Metodologia

Procedeu-se a uma revisão bibliográfica com o objetivo de fornecer uma visão mais abrangente e atualizada das NTG. Assim, foram utilizados dois repositórios de informação bibliográfica, designadamente o SCOPUS e a EUROPE PubMed Central para realizar a primeira pesquisa (*query*). Ao todo, foram considerados 7 397 documentos não duplicados agrupados no Grupo-T0.

Adicionalmente, e tendo em consideração a divisão metodológica, numa primeira fase foi feita uma análise documental do Grupo-T0 dividida em 3 subgrupos de documentos, em que cada subgrupo foi minuciosamente examinado por diferentes cientistas do JRC com base nos títulos dos documentos, originando o conjunto de documentos do Grupo-T1 (1 363 documentos).

Seguindo a mesma lógica, os documentos do Grupo-T1 foram analisados com base nos respetivos resumos (*abstracts*), originando o conjunto de documentos do grupo Core (264 documentos) para serem lidos. A este último conjunto foram adicionados 31 documentos-chave ficando a lista CORE composta por 299 artigos. Seguidamente, procedeu-se a uma segunda revisão a partir do conjunto de documentos CORE (para descrever o estado da arte de cada NTG) tendo sido gerado outro grupo constituído por 5 885 documentos (POSTCORE-1). Finalmente, do conjunto CORE e POSTCORE-1 foram selecionados e analisados 745 artigos, seguindo-se uma classificação por tipo provisório de NTG, e outros procedimen-

tos, tendo o conjunto final de artigos consistido em 651 artigos considerados relevantes para o estudo.

Capítulo 4 – Classificação e características gerais das Novas Técnicas Genômicas

As técnicas genômicas anteriormente existentes incluíam a manipulação do processo de hibridação sexual (e.g. polinização cruzada de uma autopolinizadora), a emasculação de flores, o isolamento de flores femininas e a aplicação artificial de pólen viável. Técnicas como a cultura de óvulos e a fertilização *in vitro* por eletro fusão foram desenvolvidas para superar barreiras fisiológicas. Estas podem gerar híbridos entre plantas estéreis cruzadas que normalmente não ocorrem na natureza. Outra técnica sofisticada de melhoramento envolve a indução de poliploidia que é a alteração no número de cromossomas de um organismo (e.g. por autopoliploidia ou por alopoliploidia), resultando em organismos que carregam a totalidade ou parte dos conjuntos de cromossomas de ambos os pais.

Mais se acrescenta a mutagénese por indução física e química de mutações aleatórias. E também as técnicas de transformação genética que envolvem material genético obtido fora do organismo hospedeiro e transferido para o hospedeiro usando várias estratégias, incluindo a transformação mediada por *agrobacterium*, a transformação biolística usando uma arma genética, a microinjeção (chamada transfecção e usada para células animais), entre outras. Já as sequências incorporadas aleatoriamente podem ser derivadas de uma espécie diferente (neste caso, os cientistas chamam ao resultado transgénese), ou podem conter uma cópia reorganizada de sequências presentes na espécie (intragénese), ou ainda uma cópia exata de sequências presentes na espécie (cisgénese).

Em suma, as mutações/alterações genéticas, que conduzem à obtenção de organismos mais adaptados/melhorados, podem ter origem natural (seleção natural) ou artificial (induzidas pelo Homem). As mutações/alterações genéticas artificiais são geradas por intervenção humana recorrendo a:

- **Técnicas de manipulação genética “indireta”:**

- Melhoramento tradicional, através do cruzamento entre indivíduos da mesma espécie com o objetivo de gerar indivíduos com características fenotípicas desejadas nas gerações seguintes;
- Atuação ao nível do processo de polinização (e.g. induzindo a polinização cruzada por eliminação de flores masculinas, por isolamento de flores femininas, por aplicação artificial de pólen);
- Atuação ao nível do processo de fecundação dentro da mesma espécie (e.g. fertilização *in vitro*, hibridação sexual intraespecífica) ou entre espécies diferentes (e.g. hibridação sexual interespecífica);
- Atuação ao nível do número de cromossomos (e.g. indução da poliploidia através de hibridação somática por fusão de protoblastos).

- **Técnicas de manipulação genética “direta”** recorrendo a material genético dentro ou fora da espécie:

- Indução de mutações aleatórias no genoma, através da exposição a químicos ou radiação;
- Criação de alterações específicas no genoma ou epigenoma (e.g. transgenia, cisgenia e intragenia) recorrendo, por exemplo, à biolística ou biobalística, à utilização de vetores bacterianos como o *agrobacterium tumefaciens* ou à utilização das Novas Técnicas Genômicas. As NTG podem ser aplicadas *in planta* ou *in vitro*, dando origem a variações genéticas que podem ou não ocorrer na natureza.

Neste capítulo, são ainda referidas as principais alterações genômicas geradas por cada tipo de

NTG: substituição, adição ou eliminação de bases ou sequências de DNA/RNA, com ou sem utilização de *donor templates* (por exemplo, a substituição de uma sequência “com erro” de um indivíduo doente por uma sequência “correta” de um indivíduo saudável – *donor template* dentro da mesma espécie).

O estudo dá nota que as NTG aqui mencionadas não são exaustivas, podendo existir técnicas que combinam vários grupos de NTG. Além disso, algumas técnicas ainda estão numa fase experimental, não tendo sido até agora estudadas em organismos complexos, com mais de uma célula.

Os capítulos seguintes descrevem, como vimos inicialmente, os quatro principais grupos de NTG.

Capítulo 5: descreve as 4 principais técnicas de “identificação e corte” das duas cadeias de ADN conforme o tipo de nuclease utilizada⁴: endonucleases *homing* ou meganucleases; nucleases “dedo de zinco”; nucleases TALEN; nucleases CRISPR-Cas. No mesmo subcapítulo, são descritas as formas de reparação celular das cadeias “cortadas” de ADN (junção não-homóloga das extremidades; reparação através de homologia direta; estratégias que favorecem a reparação através de recombinação homóloga) e as dinâmicas do sistema da edição de genes. Para além das técnicas de “corte” referidas também são abordadas outras técnicas, nomeadamente, a engenharia de recombinase orientada num sítio específico e a transposição de ADN num sítio específico.

É igualmente descrita a técnica CRISPR-Cas9⁵, que foi desenvolvida a partir da “observação” da reação das bactérias à infeção por vírus. Uma bactéria “regista” no seu ADN a “identificação” dos vírus invasores (armazena partes de ADN do vírus) e, numa infeção posterior, a bactéria “reconhece” o vírus e desativa as suas capacidades (a endonuclease Cas9, a “tesoura”, em conjunto com o ARN guia, o “sistema GPS”, dirigem-se ao ADN viral, reconhecem a sequência e ligam-se ao ADN viral, seguindo-se um corte da

⁴ Enzimas responsáveis pelo “corte” de ligações entre nucleótidos, a unidade estrutural do ADN e do ARN.

⁵ Sugestão: assistir à lição Ted Ed “How CRISPR lets you edit DNA” (Andrea M. Henle) em <https://ed.ted.com/lessons/how-crispr-lets-you-edit-dna-andrea-m-henle>

sequência pela Cas9, inativando o vírus); no fundo, funciona como uma vacina (sistema de imunidade adaptativa procariótica). Esta capacidade natural das bactérias foi descrita e testada em laboratório tendo sido aplicada nomeadamente na medicina⁶.

Capítulo 6: aborda o segundo grupo de técnicas – edição de genes que não envolve cortes nas duas cadeias de DNA: mutagénese orientada por um oligonucleótido, edição de bases e edição de *primers*.

Capítulo 7: apresenta o terceiro grupo de técnicas – edição do epigenoma: modulação do estado epigenético num sítio específico e ativadores e repressores num sítio específico (CRISPRa e CRISPRi).

Capítulo 8: analisa o quarto grupo de técnicas – edição de ARN direcionado: edição das bases de ARN; interferência do oligonucleótido mediado pelo ARN; interferência do CRISPR-Cas mediado pelo ARN; manipulação de isoformas de correções de ARN.

Conclusões

Apesar das várias técnicas descritas no relatório, é de destacar a ferramenta CRISPR-Cas9⁷, uma das mais recentes e talvez a mais poderosa e versátil na edição do genoma. Esta técnica é considerada revolucionária, tendo oferecido novas oportunidades em várias áreas, nomeadamente na terapia genética humana, nas análises de diagnóstico, na biotecnologia industrial, no melhoramento vegetal e nos biossensores.

Contudo, a rapidez de desenvolvimento da CRISPR associada à grande adaptabilidade da técnica a

diversos organismos (desde bactérias a organismos complexos) e células (adultas, embrionárias, gametas), à capacidade de transmissão das novas alterações às gerações seguintes, bem como a relativa facilidade de utilização continuam a levantar muitas questões éticas (e.g. a aplicação em embriões humanos) e dificuldades de previsão de outros riscos (e.g. efeitos secundários desconhecidos).

O que distingue as Novas Técnicas Genómicas das anteriores (ver anexo) é sobretudo a maior precisão da manipulação genética⁸, o menor tempo despendido na obtenção de indivíduos melhorados, a maior previsibilidade dos resultados⁹, a possibilidade de pequenas alterações¹⁰ (e.g. ao nível dos nucleótidos), a possibilidade de realizar várias alterações precisas em simultâneo (abordagem *multiplex*) e o menor custo associado.

O futuro revela-se bastante promissor com a aplicação destas novas ferramentas (e.g. melhoramento vegetal), atendendo nomeadamente aos grandes desafios das alterações climáticas e do crescimento demográfico acompanhado de grandes diversidades / desigualdades regionais (económicas, sociais, ambientais, territoriais).

Comentários / sugestões

O relatório analisado é um documento desenvolvido pelo JRC, apresentando, por isso, algum grau de complexidade técnica, e não sendo de fácil compreensão para quem não domine algumas matérias, nomeadamente Biologia, Bioquímica e Genética.

⁶ As “células doentes” extraídas do paciente são sujeitas a um processo de edição genética (preparação em laboratório do complexo formado pelo ARNgua, que coincide com o local doente do ADN, e pelo Cas9, a “tesoura”; o complexo identifica e corta o local “doente” do ADN; há reparação do ADN através do processo de reparação homóloga direcionada), seguindo-se a multiplicação destas células “reparadas” em laboratório, as quais são posteriormente injetadas no paciente.

⁷ Sugestão: assistir à TED talk que decorreu em 2015 com a geneticista Jennifer Doudna que co-inventou a CRISPR-CAS9 em conjunto com Emmanuelle Charpentier. As duas cientistas foram laureadas com o Prémio Nobel da Química de 2020 pelo desenvolvimento desta técnica: <https://www.youtube.com/watch?v=TdBAHexVYzc>

⁸ Enquanto as técnicas anteriores geralmente têm uma abordagem menos precisa e podem afetar uma gama mais ampla de genes de maneira imprevisível, as NTG são frequentemente sequências em que o efeito da alteração é conhecido de outros organismos.

⁹ As NTG geralmente permitem edições mais precisas e direcionadas no genoma, reduzindo a probabilidade de inserções aleatórias de transgenes e respetivos efeitos indesejados.

¹⁰ Enquanto as técnicas anteriores consistem, em grande medida, na inserção de novas sequências, as NTG podem ser utilizadas para efetuar pequenas ou grandes supressões de sequências, inserções curtas ou substituições de pares de bases.

Contudo, mesmo assim, teria sido útil incluir algum tipo de grafismo mais “amigável” (e.g. imagens, esquemas, infografias) para acompanhar o texto. Ademais, e tratando-se de uma temática em permanente evolução (à semelhança das novas tecnologias de informação) poderia ser pertinente atualizar periodicamente o documento. Isso permitiria a inclusão de novas técnicas ou novos conhecimen-

tos sobre as técnicas existentes, garantindo que o documento permaneça relevante e abrangente ao longo do tempo.

Além disso, a divulgação de exemplos de utilização das NTG na agricultura por tipo de técnica, por setor e por país também poderia ser interessante.

Anexo

Principais diferenças	Novas Técnicas Genômicas (NGT/NTG)	Técnicas Genômicas Estabelecidas (EGT/TGE)
Alterações aleatórias vs. Alterações específicas do local	As NGT permitem, em princípio, efetuar alterações no genoma num ou mais locais precisos. Estas localizações podem ser cuidadosamente escolhidas como sequência(s) alvo no genoma da(s) célula(s) específica(s) utilizada(s) como objeto da experiência NGT, com base no conhecimento correto da sequência genômica desse organismo específico. Podem também ser utilizadas em combinação com uma sequência dadora para inserir cis-, intra-, ou transgenes numa localização definida no genoma.	As EGT baseiam-se frequentemente em alterações aleatórias difíceis de controlar e requerem investimentos significativos em tempo e recursos para a realização de testes.
Resultados inesperados vs. Resultados previsíveis	As NGT geralmente permitem edições mais precisas e direcionadas no genoma, reduzindo a probabilidade de inserções aleatórias de transgenes e seus efeitos indesejados.	O resultado e o efeito do cruzamento interespecíes ou intergênicos é largamente imprevisível. Também nas experiências de transformação podem ocorrer efeitos indesejados devido à injeção dos transgenes em sequências de genes endógenos.
NGT visam sequências específicas do genoma	<u>Alvo:</u> são frequentemente sequências em que o efeito da alteração é conhecido de outros organismos. <u>Resultado:</u> é mais previsível em qualquer caso para características monogênicas. <u>Tempo e custos:</u> é geralmente muito mais curto que nas EGT, tais como os custos. <u>Ferramentas:</u> há ferramentas bioinformáticas para evitar ou limitar os riscos de uma experiência NGT afetar sequências fora do alvo.	<u>Alvo:</u> podem ser mais amplos e menos específicos. <u>Resultado:</u> as EGT têm geralmente uma abordagem menos precisa e podem afetar uma gama mais ampla de genes de maneira imprevisível. <u>Tempo e custos:</u> mais longo e com mais custos.
Os diferentes conjuntos de genes para a realização de alterações genômicas	Não são inseridas novas sequências exógenas no genoma de um organismo através de NGT e todas as alterações de sequência são derivadas de sequências endógenas ou de inserções ou deleções aleatórias geradas pelos sistemas de reparação endógeno.	A transegenese como EGT pode ser utilizada para exprimir sequências derivadas de espécies não relacionadas. Contudo, a mutagenese tradicional, a cis/intragenese e a indução de autopoliploidia limitam-se ao património genético endógeno existente para induzir alterações.
Os diferentes tipos de alterações genômicas	Podem ser utilizadas para efetuar pequenas ou grandes supressões de sequências, inserções curtas ou substituições de pares de bases. Muitas das alterações são limitadas em tamanho ao nível de um único nucleótido ou a um número de alterações de pares de bases consecutivas ou dispersas.	As alterações induzidas por estas técnicas de transformação genética consistem, em grande medida, na inserção de novas sequências.
Singleplex vs. Multiplex	Várias NGT, como a CRISPR-Cas, podem ser utilizadas sob forma de abordagens multiplex, introduzindo alterações em diferentes locais do genoma em simultâneo. O número de alterações induzidas é inferior.	A mutagenese tradicional e a indução de poliploidia geram alterações múltiplas no genoma. O número de alterações induzidas é superior.
Detetabilidade	A inserção de ADN heterólogo num local específico da NGT pode ser detetada e quantificada pela mesma abordagem e tecnologia.	A deteção e quantificação da inserção de ADN heterólogo num local específico pode ser mais desafiadora em comparação com as NGT, devido à natureza menos precisa das técnicas.

Capacidade do setor do melhoramento vegetal para enfrentar os desafios do abastecimento alimentar

MANUEL LOUREIRO

Gabinete de Planeamento, Políticas e Administração Geral (GPP)

Referência

TÍTULO: Capacidad del sector obtentor para hacer frente a los retos del suministro alimentario

EDITOR: Anove – Asociación Nacional de Obtentores Vegetales; Institut Cerdà

TIPO DE DOCUMENTO: livro

LOCALIZAÇÃO DO DOCUMENTO: <https://www.anove.es/wp-content/uploads/2023/11/Retos-08-08-2023.pdf>

IDIOMA: Castelhana

NÚMERO DE PÁGINAS: 97

DATA DA EDIÇÃO: Agosto de 2023

Palavras-chave: Melhoramento genético; Novas Técnicas Genómicas (NTG); desafios futuros; sistemas agroalimentares

Neste documento, são analisados os principais desafios que se levantam, nos próximos tempos, ao setor agroalimentar mundial, e ao espanhol em particular, e o papel que o setor do melhoramento de plantas pode desempenhar para ajudar a superar esses desafios e as barreiras existentes ao seu desenvolvimento.

O índice do documento apresenta a seguinte ordem:

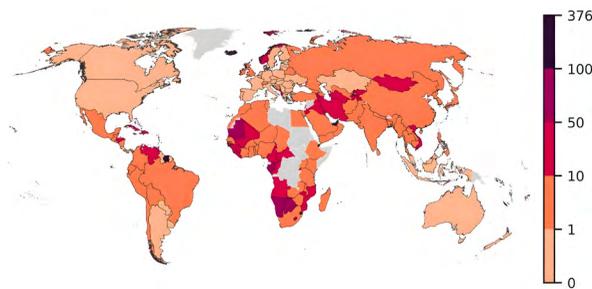
1. *Introdução*
2. *Desafios dos sistemas agroalimentares*
 - 2.1. *Desafios estruturais*
 - 2.2. *Desafios conjunturais: um mundo com crises episódicas, contínuas e sobrepostas*
3. *Ferramentas para fazer face a estes desafios*
 - 3.1. *A evolução do melhoramento vegetal: das origens da agricultura à atualidade*
 - 3.2. *O melhoramento vegetal na atualidade*
 - 3.3. *Potencial contribuição do melhoramento vegetal: como podem as novas ferramentas de edição genética ajudar no melhoramento vegetal e dar resposta aos desafios do abastecimento alimentar?*
 - 3.4. *Conclusões sobre o potencial do melhoramento vegetal e das novas técnicas de edição genómica*
4. *Limitações do melhoramento*

- 4.1. Tecnologia e legislação: diferentes ritmos de progresso
- 4.2. Falta de recursos públicos para avaliação de novas variedades
- 4.3 Falta de reconhecimento por parte dos consumidores e percepções enviesadas

5. Principais conclusões

Estes capítulos vão sendo desenvolvidos de forma sistemática, incluindo no segundo capítulo um conjunto de gráficos muito interessantes sobre a evolução das diferentes condicionantes ao desenvolvimento do setor, ou o mapa que se segue (Figura 2, p. 9).

Exposição a crises externas nos sistemas alimentares dos diferentes países do mundo (em kcal/pessoa/dia)



Exposição a choques externos: défice médio da procura. O mapa apresenta o défice da procura final (em kcal/pessoa/dia) em média de uma série de N simulações que reproduzem, uma de cada vez e para todos os países da rede, a propagação do choque associado a uma quebra de 30% na produção alimentar nacional.

Fonte: *Insights into countries' exposure and vulnerability to food trade shocks from network-based simulations.* Grassia, M., Mangioni, G., Schiavo, S., y Traverso, S. 2022.

No terceiro capítulo, expõem-se algumas das ferramentas existentes que poderão permitir garantir um aumento da produção alimentar de forma sustentada, assegurando as necessidades estimadas para 2050, que estão calculadas em cerca de 60%

de incremento do rendimento das culturas – o que significa uma aceleração de 20% face aos últimos 30 anos.

Além disso, este aumento do rendimento das culturas tem vindo a ser obtido através de um aumento dos *inputs*/fatores de produção e do desenvolvimento tecnológico dos sistemas de produção e em cerca de 50% através dos resultados dos processos de melhoramento genético. A introdução de maior tecnicidade e tecnologia nos sistemas de produção irá promover uma adaptação utilizando menos recursos.

Analisa-se ainda o contributo que as novas ferramentas de edição genética podem dar no melhoramento genético florestal e na resposta às necessidades crescentes de alimentos.

No quarto capítulo, o documento faz uma abordagem às limitações que o melhoramento vegetal enfrenta, nomeadamente os diferentes ritmos entre enquadramento legislativo e evolução tecnológica, as dificuldades nos processos de avaliação de novas variedades e mesmo as questões que se prendem com as percepções do público consumidor.

O último capítulo apresenta um conjunto de conclusões sobre os vários aspetos que foram sendo abordados ao longo do documento.

Conclusões

Trata-se de um documento muito interessante, de fácil leitura, sistematizando os vários desafios que se põem relativamente ao futuro no que respeita aos contributos do melhoramento de várias espécies agrícolas e das Novas Técnicas Genómicas para responder às necessidades alimentares.

Sustentabilidade no melhoramento em produção biológica – Melhorar todo o sistema ou ajustar alguns genes?

ANA FILIPE DE MORAIS

Gabinete de Planeamento, Políticas e Administração Geral (GPP)

Referência

TÍTULO: Sustainability in organic breeding – Improving the entire system or adjusting some genes?

AUTOR: Helene Schmutzler

EDITOR: IFOAM Organics Europe

TIPO DE DOCUMENTO: Síntese de documento de análise

LOCALIZAÇÃO DO DOCUMENTO: https://www.organicseurope.bio/content/uploads/2023/11/IFOAMEU_policy_GMO_Final_BriefingNov2023.pdf?dd

IDIOMA: Inglês

NÚMERO DE PÁGINAS: 20

ANO DA EDIÇÃO: Novembro de 2023

Palavras-chave: Melhoramento em agricultura biológica, melhoramento genético, Novas Técnicas Genómicas (NTG), produção biológica, sustentabilidade, agroecossistemas

Documento de síntese publicado pelo IFOAM Organics Europe¹, com a sua perspetiva, enquanto organização representativa da produção biológica, sobre

a sustentabilidade no melhoramento de culturas, tendo por objetivo uma avaliação da abordagem da Comissão Europeia proposta neste âmbito.

Reconhecendo que a agenda política da União Europeia integra preocupações no âmbito da sustentabilidade no setor da produção agrícola, em particular com os objetivos decorrentes do Pacto Ecológico

¹ IFOAM Organics Europe – Organização representativa da área de apoio da cadeia de produção biológica, integrando membros de 34 países europeus. <https://www.organicseurope.bio>

Europeu, consideram existirem, no entanto, deficiências significativas na abordagem da Comissão Europeia à sustentabilidade e inovação nos sistemas agroalimentares no âmbito da legislação sobre as Novas Técnicas Genómicas (NTG).

A Comissão propõe regulamentação para determinadas culturas NTG, tais como um procedimento acelerado de avaliação dos riscos, para orientar o desenvolvimento destas culturas para características «favoráveis» (artigo 22.º, referente ao Anexo III) – “*Os critérios para desencadear estes incentivos devem centrar-se em categorias amplas de características com potencial para contribuir para a sustentabilidade (tais como aquelas ligadas à tolerância ou resistência a stresses bióticos e abióticos, características nutricionais melhoradas ou maior rendimento)*”.

O IFOAM Organics Europe considera que essas características são no entanto demasiado amplas, incluindo disposições sobre produtividade, tolerância ou resistência a fatores bióticos (por exemplo, pragas) e abióticos (por exemplo, características adequadas às mudanças nas condições climáticas, como resistência à seca), uso eficiente de recursos, redução de produtos fitofarmacêuticos e fertilizantes, características nutricionais e características que melhoram a sustentabilidade de armazenamento, processamento e distribuição.

É efetuada uma avaliação crítica da contribuição para a sustentabilidade das culturas produzidas com NTG com base nas características propostas pela Comissão, sendo salientado que um produto ou um sistema de produção agrícola não pode ser declarado “sustentável” apenas com base numa determinada variedade vegetal nem numa determinada característica, não devendo o melhoramento genético ser reduzido ao uso da engenharia genética,

tendo em consideração a complexidade dos agroecossistemas.

Resiliência e sustentabilidade na produção – Perspetiva sistémica

De acordo com o IFOAM, apenas uma perspetiva integrada dos agroecossistemas pode criar sistemas agronómicos resilientes, saudáveis e robustos, desde a seleção da semente e durante o crescimento da planta. O melhoramento biológico de plantas², preservando a integridade do genoma, da célula e da interação de todos os componentes celulares, contribui para esse propósito.

Na abordagem da produção biológica³, a resiliência assenta na saúde e robustez do sistema agronómico como um todo, e não de uma cultura ou variedade específica, ou seja, uma característica não pode ser chamada de sustentável, apenas o cultivo de diversas culturas pode ocorrer de forma sustentável. O melhoramento biológico de plantas é executado em condições orgânicas, o que significa que deve ser adaptado às condições locais, à ecologia, à cultura e à escala, sendo impulsor de sistemas regenerativos de inovação agroecológica baseados na natureza.

Sem atalhos – As culturas não são soluções milagrosas

O melhoramento genético é um processo complexo, tendo como pressuposto que as propriedades das culturas se baseiam na interação de muitos genes e são afetadas por fatores ambientais e geofísicos, incluindo a saúde do solo e relações simbióticas com outras espécies, não podendo considerar-se apenas as propriedades do genoma. Além disso, deve ter em consideração que ao selecionar uma caracte-

² Existem três categorias de variedades na agricultura biológica: (1) Variedades derivadas do melhoramento vegetal convencional que são adequadas para a agricultura biológica com isenção de Organismos Geneticamente Modificados (OGM); (2) «Breeding for Organic», ou seja, variedades derivadas de programas de melhoramento de plantas com especial destaque para os objetivos de melhoramento ou ambientes de seleção para a agricultura biológica; (3) «Melhoramento biológico de plantas», ou seja, variedades derivadas de programas de melhoramento biológico ou de melhoramento biológico em explorações agrícolas, que foram cultivadas em condições de agricultura biológica.

³ European Consortium for Organic Plant Breeding (ECO-PB): documento de posição sobre o melhoramento biológico de plantas <https://www.fibl.org/fileadmin/documents/en/news/2011/messmer-wilbois-et-al-2011-positionpaper.pdf>

rística específica, outras características podem ser alteradas involuntariamente. Evidenciam os casos das variedades de trigo geneticamente modificadas, em que a alteração de determinadas características como o processo de cozimento e a resistência viral contra doenças fúngicas, acabou por afetar a capacidade de germinação, induzindo a perda de aptidão da planta e resultando em taxas de crescimento mais lentas e floração prematura.

Alterações Climáticas e desafios complexos de sustentabilidade

Interferir nas interações dos ecossistemas causa desafios ao nível da sustentabilidade e do clima. Na agricultura biológica, a produção deve enquadrar-se nos ciclos naturais e nos equilíbrios ecológicos, sendo selecionadas culturas adequadas às condições em que crescem naturalmente. Pelo contrário, a resiliência climática e outros desafios de sustentabilidade são muito difíceis ou impossíveis de alcançar através da manipulação de um ou alguns genes, como por exemplo no caso da tolerância à seca, em que foram identificados pelo menos 60 genes.

Com os dois estudos de caso selecionados – “Milho nórdico: Sistemas de cultivo robustos adaptados às condições climáticas” e “Resistência à crosta no melhoramento de maçãs alemãs” –, a análise efetuada pelo IFOAM procura evidenciar o sucesso do melhoramento biológico na transição para sistemas de produção sustentáveis, oferecendo abordagens socialmente inovadoras que trazem benefícios ambientais e socioeconómicos, utilizando sistemas inclusivos de melhoramento participativo.

Troca de conhecimento e melhoramento participativo

De acordo com o IFOAM, a produção biológica promove um setor participativo e descentralizado de melhoramento de plantas e reforça o intercâmbio de conhecimentos entre redes extensas. A força da

abordagem participativa advém de parcerias entre muitos intervenientes relevantes com diferentes experiências de trabalho, designadamente produtores que estão diretamente envolvidos nos processos de tomada de decisão dentro de todo o processo de melhoramento.

Exemplificam com experiências de intercâmbio em rede como o projeto Network Organic Plant Breeding (p.15) e a plataforma Organic Farm Knowledge⁴, que promovem a troca de conhecimentos entre agricultores biológicos, consultores agrícolas e investigadores, fornecendo e promovendo uma vasta gama de ferramentas e recursos para aumentar a produtividade e a qualidade na agricultura biológica em toda a Europa.

Novas Técnicas Genómicas e patentes: uma aliança problemática

A edição genética agrava os problemas com patentes e direitos de propriedade intelectual, uma vez que as Novas Técnicas Genómicas são frequentemente utilizadas pelas indústrias multinacionais para legitimar reivindicações de patentes sobre culturas, aumentando a dependência dos agricultores e em particular dos produtores de sementes “protegidas”.

Em contraste com o melhoramento convencional de plantas, tanto os processos como os produtos das novas técnicas de engenharia genética são patenteáveis ao abrigo da Diretiva 98/44 da UE sobre Biotecnologia. Como argumenta um relatório de 2022 da GLOBAL 2000⁵, as reivindicações de patentes são muito amplas e podem aplicar-se a todas as células, sementes e plantas que contenham a mesma sequência genética introduzida (ou seja, não nativa) a partir de uma longa lista de espécies de culturas – também de melhoramento convencional.

Patentear culturas e características pode também dificultar a inovação, porque reduz a tão necessária diversidade genética para desenvolver novas culturas ou limita-a àqueles que pagaram por uma licença.

⁴ <https://organic-farmknowledge.org>

⁵ How biotech giants use patents and new GMOs to control the future of food; 2022, Global 2000: https://www.global2000.at/sites/global/files/GLOBAL2000_NeueGentechnik_Patente_Report_20221019.pdf

De acordo com o IFOAM, o melhoramento biológico participativo poderá constituir um importante contramovimento para o problema da monopolização dos recursos genéticos por grandes empresas.

Conclusões

É importante avaliar o que significam sustentabilidade e inovação no contexto dos sistemas agroalimentares, não só da indústria agroalimentar, mas também da perspectiva da agroecologia e da produção biológica.

Ao longo das últimas décadas, a experiência ao nível da produção biológica, de acordo com a análise do IFOAM, evidencia que uma perspectiva agroecológica

dos sistemas alimentares, baseada numa combinação de estratégias e ferramentas e nas interações dos ecossistemas, possibilita resiliência a longo prazo. Com base numa abordagem centrada na biodiversidade dos ecossistemas, o melhoramento biológico proporcionará a necessária sustentabilidade e inovação na agricultura.

O melhoramento genético deve ser considerado como algo mais do que a promoção da engenharia genética centrada em características específicas “desejadas”, devendo ser valorizada a inovação orientada para objetivos ecológicos e para o fornecimento, nomeadamente, de variedades saudáveis e nutritivas, devendo envolver todos os intervenientes na cadeia de abastecimento.

Edições publicadas:

- CULTIVAR N.º 1 – Volatilidade dos mercados agrícolas
- CULTIVAR N.º 2 – Solo
- CULTIVAR N.º 3 – Alimentação sustentável e saudável
- CULTIVAR N.º 4 – Tecnologia
- CULTIVAR N.º 5 – Economia da água
- CULTIVAR N.º 6 – Comércio internacional
- CULTIVAR N.º 7 – O risco na atividade económica
- CULTIVAR N.º 8 – Biodiversidade
- CULTIVAR N.º 9 – Gastronomia
- CULTIVAR N.º 10 – Trabalho na agricultura e as novas tendências laborais
- CULTIVAR N.º 11 – População e território rural
- CULTIVAR N.º 12 – Alterações climáticas
- CULTIVAR N.º 13 – Cadeia de valor do setor agroalimentar
- CULTIVAR N.º 14 – O eucalipto
- CULTIVAR N.º 15 – Bioeconomia
- CULTIVAR N.º 16 – Digitalização
- CULTIVAR N.º 17 – Ensino agrícola
- CULTIVAR N.º 18 – Energia na agricultura
- CULTIVAR N.º 19 – Macroeconomia e agricultura
- CULTIVAR N.º 20 – Abastecimento alimentar – que fronteiras?
- CULTIVAR N.º 21 – Sistemas agroflorestais
- CULTIVAR N.º 22 – Edição Especial
- CULTIVAR N.º 23 – Impactos agroambientais: metodologias de quantificação e valorização económica
- CULTIVAR N.º 24 – A vinha e o vinho
- CULTIVAR N.º 25 – Investimento na agricultura
- CULTIVAR N.º 26 – Agricultura biológica e outros modos de produção sustentável
- CULTIVAR N.º 27 – Custos de contexto
- CULTIVAR N.º 28 – Estruturas agrárias
- CULTIVAR N.º 29 – Indústria agroalimentar
- CULTIVAR N.º 30 – Melhoramento e técnicas genómicas

NOTA DE APRESENTAÇÃO

A **CULTIVAR** é uma publicação de cadernos de análise e prospetiva, sob a responsabilidade editorial do GPP – Gabinete de Planeamento, Políticas e Administração Geral, do Ministério da Agricultura e Pescas. A publicação pretende contribuir, de forma continuada, para a constituição de um repositório de informação sistematizada relacionada com áreas nucleares suscetíveis de apoiar a definição de futuras estratégias de desenvolvimento e a preparação de instrumentos de política pública.

A **CULTIVAR** desenvolve-se a partir de três linhas de conteúdos:

- «**Grandes Tendências**» integra artigos de análise de fundo realizados por especialistas, atores relevantes ou parceiros sociais.
- «**Observatório**» pretende reunir, tratar e disponibilizar um acervo de informação e dados estatísticos de reconhecido interesse e que poderão não estar diretamente acessíveis ao grande público.
- «**Leituras**» destina-se à divulgação de documentos de organizações, nomeadamente aqueles a que o GPP tem acesso nos diversos *fora* nacionais e internacionais, ou ainda outros textos, livros, etc. considerados relevantes.

