



GENÉTICA: HEREDITARIEDADE E CARACTERÍSTICAS

Frederico Celestino Barbosa

Genética: hereditariedade e características

1ª ed.

Piracanjuba-GO
Editora Conhecimento Livre
Piracanjuba-GO

1ª ed.

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Barbosa, Frederico Celestino
B238G Genética: hereditariedade e características

/ Frederico Celestino Barbosa. – Piracanjuba-GO

Editora Conhecimento Livre, 2022

39 f.: il

DOI: 10.37423/2022.edcl530

ISBN: 978-65-5367-152-2

Modo de acesso: World Wide Web

Incluir Bibliografia

1. genes 2. geração 3. transmissão I. Barbosa, Frederico Celestino II. Título

CDU: 570

<https://doi.org/10.37423/2022.edcl530>

O conteúdo dos artigos e sua correção ortográfica são de responsabilidade exclusiva dos seus respectivos autores.

EDITORA CONHECIMENTO LIVRE

Corpo Editorial

Dr. João Luís Ribeiro Ulhôa

Dra. Eyde Cristianne Saraiva-Bonatto

MSc. Frederico Celestino Barbosa

MSc. Carlos Eduardo de Oliveira Gontijo

MSc. Plínio Ferreira Pires

Editora Conhecimento Livre

Piracanjuba-GO

2022

CAPÍTULO 1	5
CARBONO TOTAL EM PLANTAS IN VITRO DE PIMENTEIRA-DO-REINO (PIPER NIGRUM L.) SUBMETIDAS AO FILTRADO DE CULTURA DE FUSARIUM SOLANI F. SP. PIPERIS	
FABRÍCIA KELLY CABRAL MORAES	
ORIEL FILGUEIRA DE LEMOS	
CÉLIA REGINA TREMACOLDI	
ANDERSON STEILLER RODRIGUES CABRAL	
NILVAN CARVALHO MELO	
HUGO ALVES PINHEIRO	
DOI 10.37423/220706254	
 CAPÍTULO 2	 12
ESTUDOS CITOGENÉTICOS EM TRITICALE: CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA E APOIO AO MELHORAMENTO GENÉTICO	
Sandra Patussi Brammer	
Alfredo do Nascimento Junior	
DOI 10.37423/220706263	
 CAPÍTULO 3	 27
DETERMINAÇÃO GENÉTICA DO SEXO E HEREDITARIEDADE LIGADA AOS CROMOSSOMOS SEXUAIS: UMA REVISÃO	
Marcelo Henrique Santos	
Carine Zunto Lucca	
Marcos Corbellini	
Vanessa Reniele	
Pollyana Rocha	
Eduardo Fuza	
José Pereira da Rocha	
Vitor da Conceição Florindo	
Isane Vera Karsburg	
DOI 10.37423/220706267	

Capítulo 1



10.37423/220706254

CARBONO TOTAL EM PLANTAS IN VITRO DE PIMENTEIRA-DO-REINO (PIPER NIGRUM L.) SUBMETIDAS AO FILTRADO DE CULTURA DE FUSARIUM SOLANI F. SP. PIPERIS

FABRÍCIA KELLY CABRAL MORAES

Instituto Federal do Amapá

ORIEL FILGUEIRA DE LEMOS

Embrapa Amazônia Oriental

CÉLIA REGINA TREMACOLDI

Embrapa Brasília

ANDERSON STEILLER RODRIGUES CABRAL

Universidade Federal do Amapá

NILVAN CARVALHO MELO

Instituto Federal do Amapá

HUGO ALVES PINHEIRO

Universidade Federal Rural da Amazônia



Resumo: A alteração no metabolismo dos carboidratos pode ser provocada pela ação de fitotoxinas produzidas por patógenos. Plantas da cultivar Guajarina de pimenteira-do-reino foram submetidas ao filtrado de cultura de *Fusarium solani* f. sp. *piperis*, visando quantificar o carbono total na planta e sua distribuição nas raízes, caule e folhas. As plantas foram inoculadas em 15 mL de meio de cultivo 1/2 MS com adição das doses de 0 e 50% (v/v) do filtrado fúngico. Aos 45 dias da imposição do tratamento em sala de crescimento com fotoperíodo de 16 h, luminância de 3000 lux e temperatura de 25°C ± 3°C. Amostras de massa seca das raízes, caule e folhas foram submetidas ao analisador elementar LECO - CNS 2000, para a quantificação de carbono total. As médias das percentagens das partes componentes das plantas foram maiores para a dose 50% de filtrado fúngico em todas as partes das plantas. Mesmo na presença de filtrado fúngico, o carbono foi incorporado em todas as partes das plantas, promovendo seu crescimento.

INTRODUÇÃO

O cultivo e a seleção *in vitro* utilizando toxinas fúngicas presentes no filtrado de cultura tem sido empregada com sucesso para a seleção de diversas espécies vegetais visando a resistência de plantas às espécies de *Fusarium* (SVABOVÁ; LEBEDA, 2005).

A utilização do filtrado fúngico têm sido instrumento efetivo para o desenvolvimento de novos genótipos de resistência a doenças, estudos das interações entre plantas e patógenos e como ferramenta biotecnológica para auxiliar programas de melhoramento genético (SVABOVÁ; LEBEDA, 2005).

Espécies de *Fusarium* produzem uma variedade de metabólitos secundário biologicamente ativos em cultura (LEMOS, 2003), dentre estes, considera-se que o ácido fusárico, toxina mais estudada do fungo, esteja envolvido no desenvolvimento da doença (SVABOVÁ; LEBEDA, 2011).

Sintomas da doença semelhantes aos observados em campo são verificados nas plantas quando submetidas ao filtrado de cultura, pois o filtrado apresenta em sua composição metabólitos secundários, toxinas e tantos outros compostos (SVABOVÁ; LEBEDA, 2013) que podem ser utilizados para selecionar plantas mais resistentes ou tolerantes a patógenos (CASTRO et al., 2016).

Alteração no metabolismo dos carboidratos pode ser provocada pela ação de fitotoxinas produzidas por patógenos. Assim, o objetivo deste estudo foi quantificar a distribuição do carbono total (CT) nas raízes, caules e folhas das plantas de *Piper nigrum* da cultivar Guajarina submetidas ao filtrado de cultura de *Fusarium solani* f. sp. *piperis*.

METODOLOGIA

O experimento foi realizado no Laboratório de Biotecnologia e Recursos Genéticos da Embrapa Amazônia Oriental, em Belém, Pará. O material vegetal utilizado foi proveniente do cultivo *in vitro* de brotos da cultivar Guajarina com cinco semanas e sexto subcultivo.

O cultivo do isolado de *Fusarium solani* f. sp. *piperis* foi conduzido no Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Amazônia Oriental. O isolado foi cedido pela Coleção de Fungos Fitopatogênicos do Bioma Amazônia da Embrapa, e foi cultivado durante uma semana em meio BSA (batata-sacarose-ágar). Em seguida, discos de 0,7 cm de diâmetro, contendo micélio e conídios do fungo, foram retirados das placas de Petri e transferidos para erlenmeyers contendo meio de cultura Czapek-Dox, sendo um disco para cada 200 mL de meio. Após 28 dias de incubação no escuro, à temperatura de $25^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$ foi

realizada a filtragem com o auxílio de uma dupla gaze esterilizada. O micélio do fungo foi descartado e o filtrado foi autoclavado por 20 min a 121 °C e 1,5 atm.

Plantas de *Piper nigrum* foram inoculadas em 15 mL de meio de cultivo básico com a metade da concentração dos sais de MS (1/2 MS) com adição das doses de 0 e 50% (v/v) do filtrado fúngico. Os tubos contendo as plantas foram vedados com filme de PVC e mantidos durante 45 dias em sala de crescimento com fotoperíodo de 16 h, intensidade luminosa de 3.000 lux, proporcionada por lâmpadas fluorescentes brancas de 20 W e temperatura de 25°C ± 3°C. Aos 45 dias após a imposição do tratamento, amostras de massa seca das raízes, caule e folhas das plantas de pimenteira-do-reino da cultivar Guajarina submetidas à seleção *in vitro* por filtrado fúngico foram submetidas ao analisador elementar LECO - CNS 2000, para a quantificação de carbono total.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Verificou-se que o percentual médio de carbono total das partes componentes das plantas provenientes do cultivo em meio de cultura com a adição de 50% do filtrado fúngico foi maior para todas as partes analisadas (Figura 1). As plantas mantidas na presença de filtrado fúngico incorporaram carbono total em maior quantidade que as plantas sem a presença de filtrado fúngico, comportamento este verificado tanto nas raízes, caule e folhas (Figura 1). Houve diferença estatística na porcentagem de carbono total entre os tratamentos (0% e 50%) para as folhas das plantas de pimenteira-do-reino.

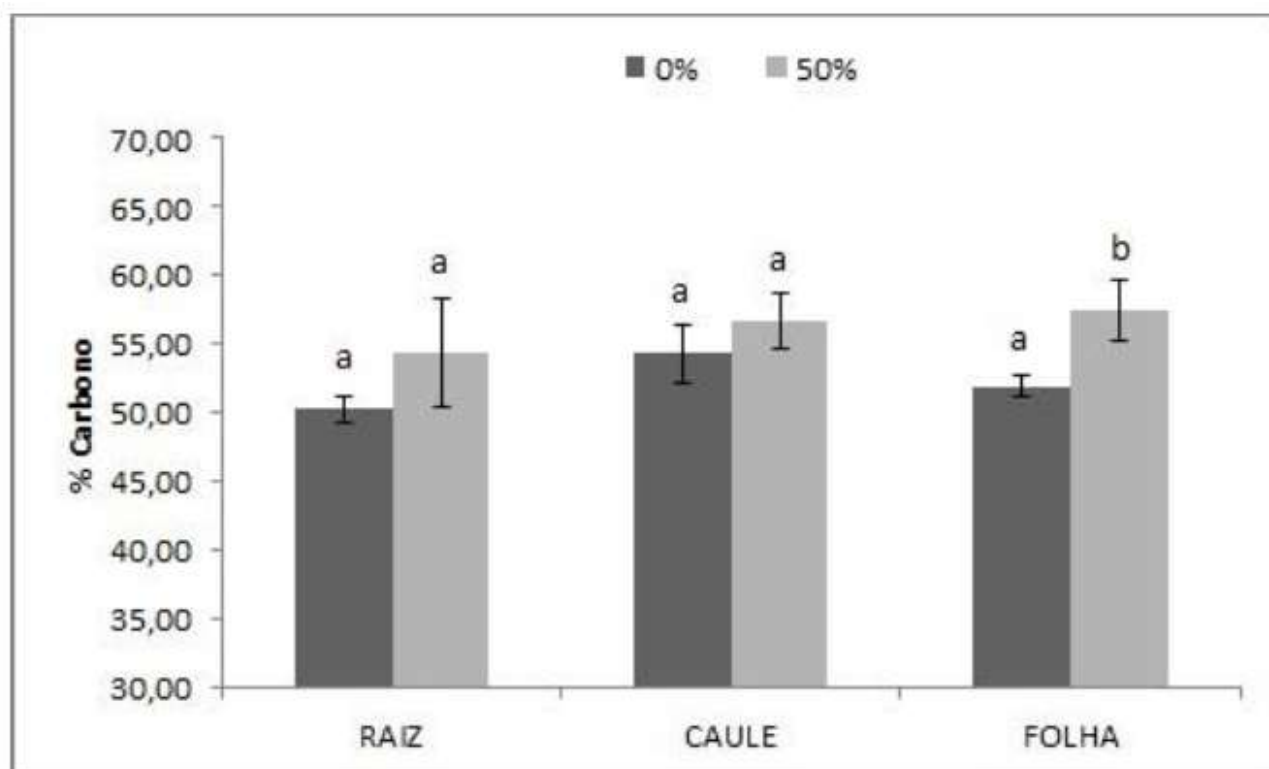


Figura 1. Acúmulo de carbono total nas partes das plantas cultivadas *in vitro* de *Piper nigrum* L. após 45 dias da imposição dos tratamentos. Os dados de % de CT são representativos de cinco repetições. Letras minúsculas indicam diferenças significativas entre médias (Teste de Tukey, $p < 0,05$).

Durante o cultivo *in vitro* o processo de infecção, modificações fisiológicas e bioquímicas ocorrem algumas vezes de forma permanente. Em seguida surgem as mudanças morfológicas visíveis (sintomas) (AGRIOS, 2005; PASCHOLATI et al., 2008). As toxinas fúngicas podem danificar as células da planta e promover a liberação de nutrientes para as atividades metabólicas do patógeno (MICHEREFF, 2001).

Lebeda et al., (2010) afirmam que o filtrado fúngico pode conter uma gama de metabólitos secundários, polissacarídeos, oligossacarídeos, proteínas, glicoproteínas, ácidos graxos insaturados, reguladores de crescimento e as toxinas que apresentam um papel fundamental no desenvolvimento da doença.

As toxinas são classificadas conforme seu modo de ação, podendo atuar no aparecimento ou responsáveis pelo desenvolvimento da doença (YODER, 1980) e desempenham um grande número de atividades potenciais durante a patogênese como por exemplo: moléculas supressoras, alterando o início e/ou a manutenção da expressão dos mecanismos de resistência do hospedeiro (TRIGIANO; WINDHAM; WINDHAM, 2010).

A incorporação do carbono total nas plantas *in vitro* de pimenteiras-do-reino na presença do filtrado de cultura de *F. solani*, possivelmente pode estar relacionada com a grande demanda em energia e fontes de carbono que são empregados na resposta de defesa da planta ou às alterações na relação fonte-dreno para suprir o patógeno com esqueletos de carbono durante a patogênese (STANGARLIN; PASCHOLATI, 2000).

Alteração no metabolismo dos carboidratos pode ser provocada pela ação de fitotoxinas produzidas por patógenos. O acúmulo de carboidratos e açúcares alteram a quantidade e translocação de carboidratos em folhas infectadas (STANGARLIN; PASCHOLATI, 2000). Assim, as fitotoxinas produzidas por *F. solani* podem estar comprometendo a fotossíntese, e a permeabilidade da membrana provocando um acúmulo de alguns compostos, como: amido e açúcares solúveis.

Neste estudo o filtrado de cultura de *F. solani* f. sp. *piperis* utilizado foi autoclavado, logo podemos inferir que o efeito fitotóxico na alteração do carbono nas partes das plantas de pimenteira-do-reino, possivelmente foi decorrente da ação das toxinas termoestáveis presentes no filtrado fúngico de *F. solani*.

CONCLUSÃO

Na presença do filtrado de cultura de *Fusarium solani* f. sp. *piperis*. o carbono total foi maior em todas as partes das plantas de pimenteira-do-reino.

REFERÊNCIAS

AGRIOS, G. N. Plant pathology. 5 ed. Elsevier Academic Press, 2005. 948p.

CASTRO, G. L. S.; LEMOS, O. F.; TREMACOLDI, C. R. MORAES, F. K. C.; SANTOS, L. R. R.; PINHEIRO, H. A. Susceptibility of in vitro black pepper plant to the filtrate from a *Fusarium solani* f. sp. *piperis* culture. *Plant Cell Tiss Organ Cult.* v. 127, p. 263-268, 2016.

LEBEDA A.; SVABOVA L. In vitro screening methods for assessing plant disease resistance. In: Spencer M, Lebeda A (eds) Mass screening techniques for selecting crops resistant to disease. International Atomic Energy Agency, Vienna, p. 5-45, 2010.

LEMONS, O. F. de. Mutagênese in vitro no melhoramento genético da pimenta-do-reino (*Piper nigrum* L.). 2003. 191 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2003.

MICHEREFF, S. J. Fundamentos de fitopatologia. Recife, 2001.

PASCHOLATI, S. F.; LEITE, B.; STANGARLIN, J. R.; Interação planta-patógeno: fisiologia, bioquímica e biologia molecular. Piracicaba: FEALQ. Biblioteca de ciências agrárias Luiz de Queiros. v.13. p. 627, 2008.

STANGARLIN, J. R.; PASCHOLATI, S. F. Atividades de ribulose-1,5-bifosfato carboxilase-oxigenase (rubisco), clorofilase, beta-1,3 glucanase e quitinase e conteúdo de clorofila em cultivares de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) infectados com *Uromyces appendiculatus*. *Summa Phytopathologica*, Jaboticabal/SP, v. 26, n.1, p. 34-42, 2000.

SVABOVÁ, L.; LEBEDA, A. In vitro Selection for Improved Plant Resistance to Toxin-Producing Pathogens. *Journal Phytopathology*, v.153, p. 52-64, 2005.

SVÁBOVÁ, L.; LEBEDA, A.; KITNER, M.; SEDLÁROVÁ, M.; PETRIVALSKY3, M.; DOSTÁLOVÁ1, R.; ONDREJ, M.; HORÁČEK, J.; SMYKALOVÁ, I.; GRIGA, M.; Comparison of the effects of *fusarium solani* filtrates in vitro and in vivo on the morphological characteristics and peroxidase activity in pea cultivars with different susceptibility. *Journal of Plant Pathology*. n. 1, p. 19-30, 2011.

SVABOVA´ L, LEBEDA A. Variability for resistance to *Fusarium solani* culture filtrate and fusaric acid among somaclones in pea. *Biol Plant*. v. 57, p. 133-138, 2013.

TRIGIANO, R. N.; WINDHAM, M. T.; WINDHAM, A. S. Fitopatologia: conceitos e exercícios de laboratório. Porto Alegre: Artmed, p.576, 2010.

YODER, O. C. Toxins in pathogenesis. *Annu. Rev. Phytopathol.* n. 18, p. 29-103, 1980.

Capítulo 2



10.37423/220706263

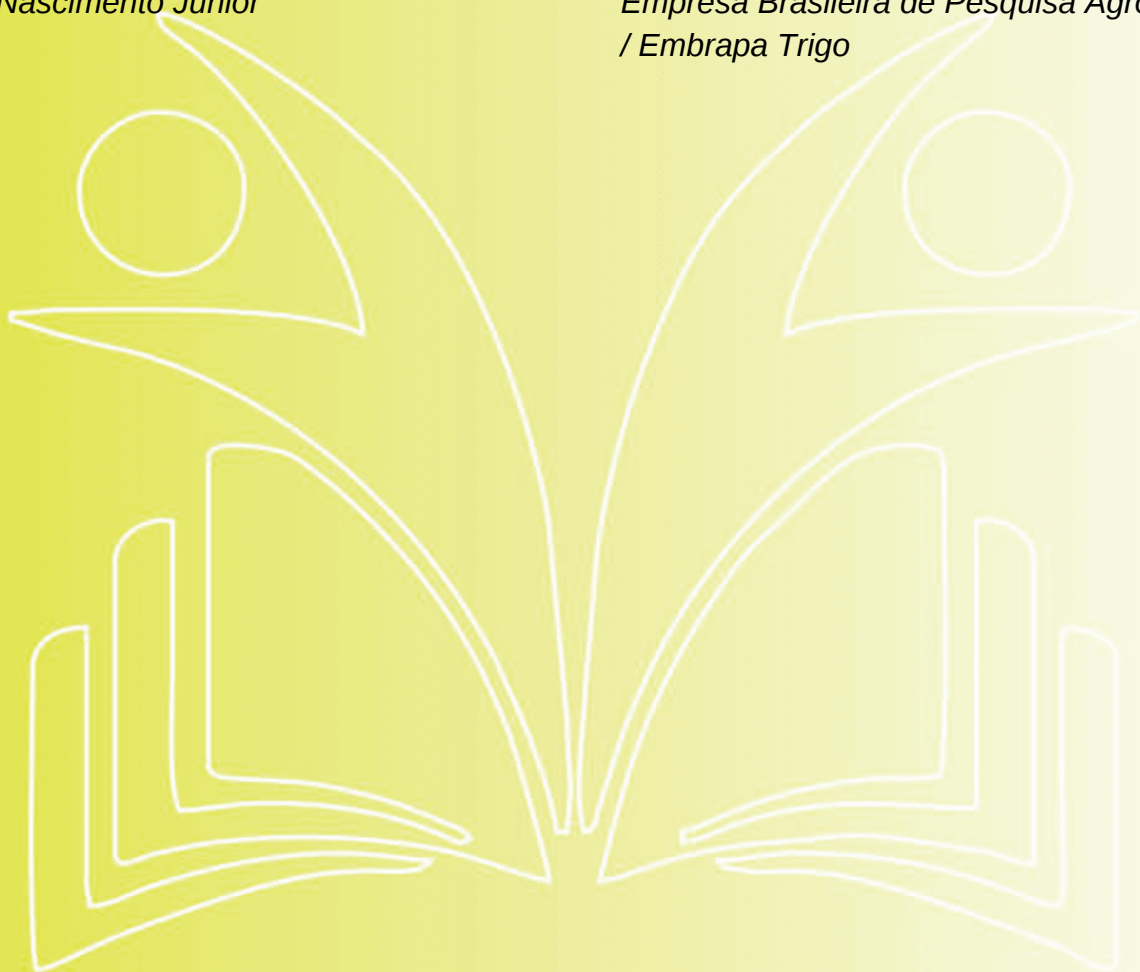
ESTUDOS CITOGENÉTICOS EM TRITICALE: CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA E APOIO AO MELHORAMENTO GENÉTICO

Sandra Patussi Brammer

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
/ Embrapa Trigo*

Alfredo do Nascimento Junior

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
/ Embrapa Trigo*



Resumo: O triticale (*X Triticosecale* Wittmack) é uma espécie oriunda do cruzamento artificial entre o trigo (*Triticum* spp.) e o centeio (*Secale* spp.). Estudos citogenéticos estão basicamente envolvidos na confirmação do nível de ploidia e número cromossômico; na análise do pareamento e segregação cromossômica durante a divisão celular e formação dos gametas (mitose e meiose); no acompanhamento da cromatina introgridida frente a cruzamentos interespecíficos e intergenéricos; na identificação da presença de micronúcleos nas tétrades para a determinação do índice meiótico; na variabilidade e viabilidade de grãos de pólen. As avaliações citogenéticas também permitem inferir sobre a estabilidade genética, tanto nos parentais como nas gerações segregantes, potencializando esse tipo de estudo para a seleção assistida ao melhoramento genético quanto à seleção positiva ou eliminação de genótipos instáveis geneticamente. Nesse contexto, a presente revisão aborda a importância dos estudos citogenéticos em triticale, destacando alguns estudos de sucesso, tanto na caracterização de germoplasma como na seleção assistida aos programas de melhoramento genético da espécie.

INTRODUÇÃO

O triticale (*X Triticosecale* Wittmack) foi desenvolvido pelo homem com a intenção de reunir em uma única espécie as características de seus precursores, apesar deste tipo de hibridação interespecífica já ter ocorrido naturalmente na natureza (Carvalho et al., 2008). Pertencente à família Poaceae, subfamília Pooideae, tribo Triticeae e subtribo Triticineae, é um cereal de inverno oriundo do cruzamento artificial entre o trigo (*Triticum spp* L.) como parental feminino e o centeio (*Secale cereale* L.) como parental masculino. É um anfidiplóide sintético, podendo conter em seu genoma 56 ou 42 cromossomos. Os triticales octoploides têm 56 cromossomos, oriundos da hibridação do trigo hexaploide ($2n=6X=42$) com o centeio diploide ($2n=2X=14$), possuindo 28 pares de cromossomos (21 do trigo, sete do genoma A, sete do genoma B e sete do genoma D) e mais sete pares de cromossomos R do centeio. Os hexaploides, com 42 cromossomos, são oriundos do cruzamento entre trigo tetraploide ($2n=4X=28$) e o centeio diploide ($2n=2X=14$). O triticale é primário, quando provém diretamente do cruzamento entre espécies ancestrais (trigo e centeio) e secundário, quando resulta do cruzamento entre primários ou destes com outros secundários. São denominados completos ou triticales hexaploides, os que contêm todos os sete pares de cromossomos dos genomas “A” e “B”, do trigo, e “R”, de centeio. São denominados substituídos, os triticales hexaploides em que um ou mais cromossomos de centeio foram substituídos por cromossomos de trigo (Carvalho et al., 2008; Kwiatek & Nawracata, 2018).

O triticale pode ser usado como estratégia para reduzir gasto com a matéria-prima na atividade moageira, podendo servir para a produção de massas alimentícias, biscoitos e pães (Baier et al., 1984), aliado ao fato de que apresenta melhor balanço mineral e proporção de fibras solúveis que o trigo e maior conteúdo de lisina dentre os cereais (revisão em Watanabe, 2016). Também vem sendo amplamente utilizado por produtores de suínos, gado e aves, representando uma alternativa de valor energético e proteico na alimentação dos animais, em substituição de outros cereais, além de grande importância na agricultura global e também para a produção de biocombustível, como é o caso do etanol (Nascimento Junior et al., 2004; Nascimento Junior, et al., 2008). Essa espécie é alvo de interesse nos programas de melhoramento genético, com a finalidade de unir características favoráveis de cada espécie parental, associado à qualidade nutritiva e o potencial de produção, bem como dos desafios de introgressão de variabilidade genética necessária para o desenvolvimento de novas cultivares (Corrêa et al. 2006; Kwiatek & Nawracata, 2018). Nesse sentido, Laugerotte et al. (2022) destacam a possibilidade de cruzar variedades-elites de triticale com recursos genéticos

exóticos ou selvagens, permitindo a introdução de genes ou alelos de interesse agrônomo, visando acelerar o desenvolvimento de novas cultivares.

O melhoramento do triticale deve ser analisado através de informações sobre o modo de reprodução, número cromossômico e comportamento meiótico para melhor orientar os cruzamentos, maximizando tempo, redução de custos e recursos físicos, principalmente pelo fato de ser um híbrido interespecífico. De acordo com Brammer et al. (2019), a caracterização de um germoplasma deve ser realizada anteriormente ao desenvolvimento dos cruzamentos no programa de melhoramento genético, pois possibilita a melhor seleção dos parentais. Além disso, Kwiatek & Nawracała (2018) abordam, em excelente revisão, que as manipulações cromossômicas dão a possibilidade de melhorar o pool genético de triticale e seus parentes sem usar quaisquer tecnologias que estejam conectadas com ferramentas de edição de genoma e associados a organismos geneticamente modificados (OGM).

As análises citogenéticas em triticale podem revelar várias irregularidades meióticas como não pareamento cromossômico, alta frequência de aneuploidias e esterilidade parcial (Falcão et al., 1981). De acordo com Oettler (2005), a principal causa é decorrente da insuficiência de tempo na duração da formação de quiasmas nos cromossomos do centeio na sinapse. As instabilidades meióticas podem prejudicar a aquisição de padrões mínimos para a produção do grão de pólen, quando associada com anormalidades genéticas e/ou aberrações cromossômicas, o que resulta na formação de plantas anormais, macho-esterilidade impossibilitadas de produzir grãos. Este fato é importante, pois no melhoramento genético, são utilizadas somente plantas típicas como parentais, com genótipos estáveis para realizar cruzamentos e gerar novas cultivares melhores, adequadas aos padrões da legislação brasileira de sementes (Corrêa et al., 2006). Anormalidades no processo meiótico, levando à viabilidade de pólen reduzida, são descritas em diversas outras espécies, tais como milho (*Zea mays*), *Paspalum* (*Paspalum* spp.), soja (*Glycine max*), couves (*Brassica napus* e *B. campestris*), cevada (*Hordeum vulgare*) e trigo (*Triticum aestivum*) (Pagliarini, 2000; Munaretto et al., 2020; Frizon et al., 2021).

Entretanto, uma das maneiras de verificar se o comportamento dos cromossomos é normal, é por meio da identificação de micronúcleos nas tétrades, análise de micrósporos e/ou grãos de pólen, consistindo-se de um método rápido, direto e que permite, tanto a seleção como a eliminação de genótipos indesejáveis e/ou instáveis geneticamente (Corrêa et al., 2006; Frizon et al., 2017). Ressalta-se que a análise da presença de micronúcleos em um estudo de inferência genética, como apoio ao melhoramento genético, pode ser crucial. Isso é bem documentado em revisão de Toniazzo et al.

(2018), onde descrevem que os micronúcleos são formados devido a quebras ou pontes cromossômicas durante a anáfase da meiose (I ou II), acarretando segregação cromossômica desigual pelo fato de que os cromossomos retardatários formam massas de cromatina isoladas do grupo principal e, como consequência, perda de material genético.

Portanto, ênfase especial deve ser dada para os estudos de inferência da estabilidade genética no momento dos cruzamentos e da segregação das progênies em programas de melhoramento de uma espécie, principalmente considerando-se os diferentes fatores envolvidos (biótico ou abióticos), tipo de germoplasma e os objetivos propostos (Brammer et al., 2021). As Figuras 1 e 2 apresentam algumas das características evidenciadas em estudos citogenéticos de triticale.

ESTUDOS CITOGENÉTICOS EM TRITICALE: EXEMPLOS DE SUCESSO

Quando se pretende iniciar um programa de melhoramento genético de uma determinada espécie, algumas premissas básicas devem estar bem estabelecidas, principalmente o objetivo do programa e o conhecimento da espécie a ser trabalhada. Além do sistema de cruzamento envolvido é fundamental conhecer a constituição genômica, ou seja, o número cromossômico e o nível de ploidia. Na Embrapa Trigo, são realizadas essas avaliações citogenéticas desde a década de 2000 e em praticamente todos os genótipos que são usados nos blocos de cruzamento, durante a fase das hibridações do programa de melhoramento da espécie. Outros estudos são realizados associando à citogenética com o melhoramento genético de triticale e dentre esses, destacam-se, a seguir, alguns realizados, principalmente, no Brasil.

Considerando a área da citogenética clássica, Brammer et al. (2002) determinaram o nível de ploidia em genótipos de triticale, visando identificar os hexaploides e octaploides, para uso no programa de melhoramento genético da Embrapa Trigo, bem como contribuir para o conhecimento da espécie e caracterização do germoplasma em estudo. Basicamente, foram analisadas a mitose de pontas de raízes, obtidas de sementes germinadas em papel germitest. Após a coleta das raízes com 1,5 cm de comprimento, fez-se o pré-tratamento a 4°C por 24 horas, seguido da fixação com solução em Carnoy 3:1 (3 álcool etílico: 1 ácido acético, v:v), por 24 horas em temperatura ambiente e conservadas em álcool etílico 70% a -20°C, até a preparação das lâminas. Para isso, as raízes foram retiradas do álcool 70% e postas em hidrólise com HCl 1N, por 12 minutos a 60°C, seguido da lavagens e secagem das raízes e imersão no corante Feulgen, por cerca de uma hora no escuro. De imediato, preparou-se as lâminas macerando bem o material e substituindo o corante por carmim acético 1%. Procedeu-se a

visualização ao microscópio ótico, cujas determinações foram feitas em células bem individualizadas na metáfase mitótica. Esse procedimento é o mais comumente usado no Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Trigo e também em diversos centros de pesquisas e universidades.

Considerando os estudos de meiose, variabilidade e viabilidade do grão de pólen, Falcão et al. (1981) abordam a relação do efeito genotípico e ambiental no comportamento meiótico e a influência de anormalidades cromossômicas na fertilidade de triticale hexaploide. Para as autoras, durante os processos da fertilização até a obtenção da semente madura, vários fatores genéticos e ambientais estão envolvidos, além da regularidade meiótica. Segundo Brambatti (2010), por meio de estudos de mitose e/ou meiose, eliminam-se os materiais instáveis com anormalidades citológicas, aumentando a probabilidade de que aqueles mais estáveis sejam escolhidos em etapa anterior à multiplicação de sementes, permitindo um maior avanço na seleção e evitando que anomalias sejam repassadas de geração para geração. Nesse contexto, Rosa et al. (2006) observaram que existem diferenças entre genótipos de triticale quanto à frequência de tétrades irregulares e genótipos que apresentam irregularidades meióticas, mas que podem produzir pólen viável e em quantidade elevada. Por sua vez, Zanotto et al. (2009) encontram porcentagem média de grãos de pólen viáveis em genótipos de triticale, oriundos do bloco de cruzamentos, entre 68,6% a 98,8%. Tais valores foram considerados altos entre genótipos bem distintos geneticamente.

No caso de estudos que analisam diretamente algumas fases da meiose até o desenvolvimento do grão de pólen, destaca-se o de Guerra et al. (2011) onde foram observadas irregularidades em anáfase I, como cromossomos retardatários, micronúcleos em telófase I e II telófase, tétrade normal e tétrade com micronúcleos, além de pólen inviável, o que comprometeu tanto o comportamento meiótico quanto o índice meiótico. Verificaram que a porcentagem de polens viáveis foi mais elevada ao serem comparados com os seus Índices Meióticos (IM). Mencionam que as porcentagens de células normais foram sempre maiores em plantas sob condições de campo do que aquelas em casa de vegetação. Para todas as características estudadas, as plantas cultivadas em condições de campo são melhores do que aquelas em casa de vegetação, o que levou à conclusão de que fatores ambientais, no ambiente protegido, afeta negativamente as características reprodutivas analisadas. Ainda com relação à essa temática, Zimmermann et al. (2014) analisaram genótipos de triticales da população estruturada Embrapa 53/BRS Minotauro do programa de melhoramento genético da Embrapa Trigo. A análise da presença de micronúcleos e IM foi realizada com os parentais e os híbridos F₁ e F₂, sendo que os métodos empregados foram os usuais do Laboratório de Biotecnologia. As análises foram em

microscopia ótica e com três repetições por genótipo, onde foram analisadas 300 tétrades/lâmina, totalizando 4.584. O IM foi calculado considerando o número de tétrades normais/número total de tétrades analisadas x 100, sendo verificado para a cultivar Embrapa 53 com 87%, BRS Minotauro com 78%, F_1 com 68% e F_2 com 79%. Esses resultados indicam que para esta população, a geração F_1 apresentou menor IM e a diferença dos índices entre os pais pode estar contribuindo para os demais IMs, representando a necessidade de retrocruzamentos, visando obter índices acima de 90%.

Dentro da estratégia de retrocruzamentos, Giacomini et al. (2015) analisaram o comportamento meiótico, a viabilidade do pólen e estabilidade meiótica também para as cultivares Embrapa 53 e BRS Minotauro e seus híbridos nas gerações F_1 , F_2 e retrocruzamentos RC_1 e RC_2 . Os resultados das avaliações citogenéticas quanto à presença de micronúcleos em tétrades, demonstraram que o IM variou de 68 a 87%, considerando a categoria normal para as tétrades sem micronúcleo. Nas análises da viabilidade polínica, a porcentagem de grãos de pólen binucleados e/ou trinucleados, considerados viáveis, variou de 59% na geração F_1 a 79%, no RC_2 . Quanto à presença de grãos de pólen vazios ou com mais de um poro, ambos considerados inviáveis, a frequência foi de 5,18% e 0,38%, respectivamente. Concluíram, por meio das análises estatísticas, que o retrocruzamento afeta positivamente a estabilidade meiótica do triticale e que esse método deve ser considerado pelos melhoristas no momento que se almeja obter linhagens de triticale com melhor estabilidade genômica.

Por sua vez, Brambatti et al., (2016), ao analisarem a viabilidade polínica, em genótipos de triticales hexaploides oriundos do bloco de cruzamentos do programa de melhoramento genético da Embrapa Trigo, visaram inferir sobre a estabilidade genética do material biológico e com isso demonstrar que os estudos citogenéticos representam excelente ferramenta de apoio ao melhorista na escolha dos genótipos mais estáveis. Nesse estudo, foram avaliados 29 genótipos, com cinco repetição cada, por meio de microscopia ótica e técnica de Squash, totalizando 1.000 grãos de pólen/genótipo. As variáveis analisadas foram: grãos de pólen binucleados e trinucleados, com pouco amido, vazios, com mais de um poro e de tamanhos diferentes. Os resultados obtidos demonstraram que houve diferença significativa entre todas as variáveis, sendo que a porcentagem de grãos de pólen binucleados e/ou trinucleados (viáveis) variou de 74 a 97%. Ao mesmo tempo, identificaram que 66% dos genótipos apresentaram viabilidade polínica acima de 90%, estando aptos a continuar fazendo parte do programa de melhoramento genético de triticale, tanto na seleção de parentais como durante os cruzamentos e retrocruzamentos.

Entre outras técnicas citogenéticas, as de bandeamentos cromossômicos, muito utilizadas nas décadas de 1960 a 1980, eram aplicadas nos estudos evolutivos, principalmente para verificar as diferenças nas estruturas cromossômicas entre os indivíduos da mesma espécie, espécies relacionadas dentro da mesma família ou gênero e em populações (Jouve et al., 1980; Martin & Hesemann, 1988). Entretanto, a maioria dos estudos são realizados com diferentes estratégias metodológicas para a melhor compreensão dos aspectos genéticos envolvidos (Zhang et al., 1998; Hohmann et al., 1999; Bento et al., 2008; Zhou et al., 2007; Laugerotte et al., 2022)

Das estratégias mais recentes, destacam-se às aplicadas pela citogenética molecular (Brammer et al., 2006), impulsionadas a partir de 1990, em que podem ser visualizados os cromossomos e/ou cromatina distendida por métodos fluorescentes, via Hibridização In Situ Fluorescente (FISH) ou Hibridização Genômica In Situ (GISH). Brammer et al. (2013) mencionam que para as Triticeae a ampla hibridação entre espécies relacionadas representa um potencial prático no melhoramento genético, em função da facilidade de cruzamento e do grande conhecimento de seus genomas. A área da citogenética molecular, analisa com grandes detalhes a estrutura cromossômica, o acompanhamento da quantidade de cromatina introgressada em cruzamentos interespecíficos, os pareamentos intergenômicos em plantas híbridas, além da verificação da posição de genes e de marcadores moleculares, muito útil na integração de mapas genéticos e cromossômicos (Brammer et al., 2013). A FISH tem sido utilizada principalmente para localizar diferentes sequências de DNA em cromossomos mitóticos ou meióticos, em núcleos interfásicos e em fibras de cromatina estendidas. Por sua vez, a GISH tem aplicações na evolução, na caracterização de genomas e cromossomos em híbridos poliploides, alopoliploides parciais e linhagens recombinantes, hipo-haploides, assim como na identificação de introgressões gênicas, translocações e inversões contribuindo de forma eficiente na análise da estabilidade cariotípica e na escolha dos melhores genótipos visando à seleção assistida do melhoramento genético (Brasileiro-Vidal et al., 2002; Peñaloza & Pozzobon, 2007).

A técnica de GISH é amplamente usada em triticale, pelo fato de ser um híbrido interespecífico e intergenérico, o que permite inúmeros estudos, desde a confirmação do nível de ploidia e número cromossômico para cada parental como da estabilidade cromossômica no híbrido e gerações segregantes, além de acompanhamento de introgressões gênicas e identificações de translocações. Brambatti (2010) analisou a presença de possíveis translocações em cinco genótipos de triticales. Quanto ao nível de ploidia, todos foram hexaploides ($2n=6x=42$). Comparando-se os genótipos, foi possível verificar que as cultivares BRS Ulisses, Triticale BR 4, assim como as linhagens PFT 0803 e PFT

112, apresentaram o padrão cromossômico normal e dentro do esperado para a espécie, embora em BRS Minotauro o padrão cromossômico foi diferenciado, demonstrando a existência de possíveis translocações. Entretanto, a autora menciona que no presente estudo, não pode verificar quais braços cromossômicos e quais genomas de trigo estão associados a estas translocações com o genoma do centeio e que a presença de translocações, não pode ser indicativo de irregularidade no processo meiótico em virtude de que as células analisadas eram somáticas, e não gaméticas, necessitando de maiores estudos.

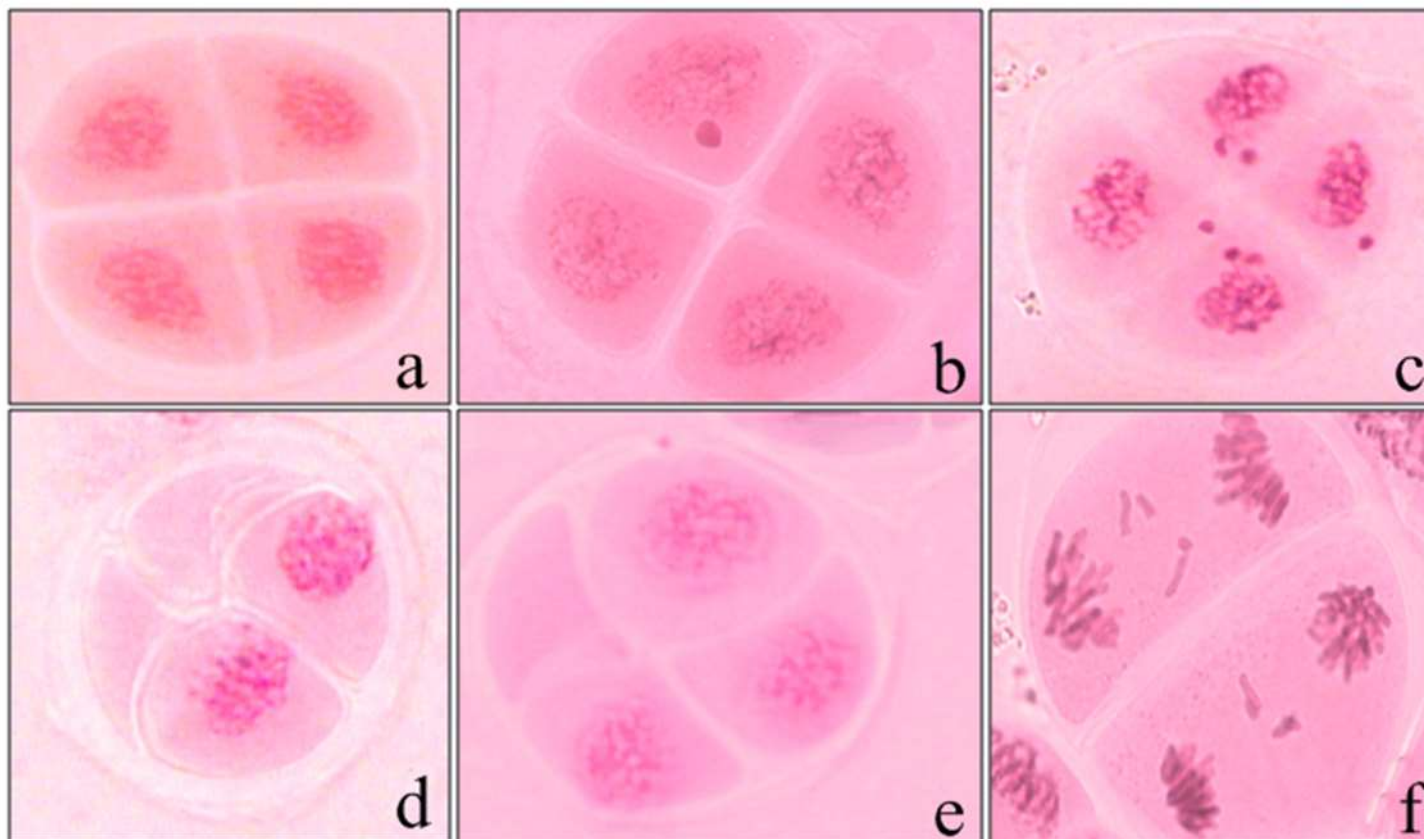


Figura 1: Tétrade normal e anormal em tritard: (a) tétrade normal; (b) com um micronúcleo; (c) com mais de um micronúcleo por micrósporo; (d) díade; (e) tríade; (f) cromossomos retardatários na meiose I.

Fotos: Zimmermann, L.S. (2015) – estagiária de iniciação científica da Embrapa Trigo.

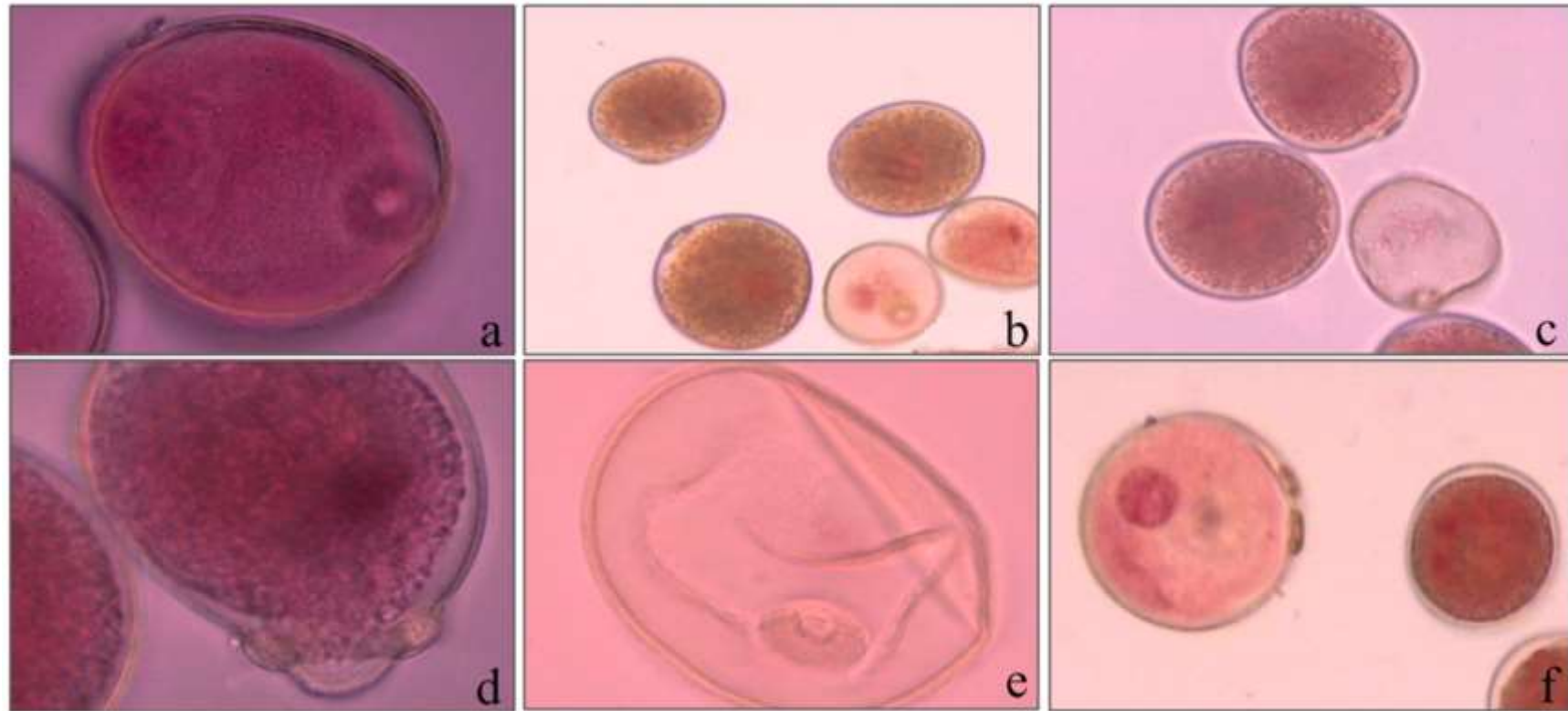


Figura 2: Variabilidade e viabilidade dos grãos de pólen em triticale: (a) bi/trinucleado com bastante amido, um poro e tamanho normal; (b) bi/trinucleado com bastante amido (seta), um poro e tamanhos diferentes; (c) tamanho menor com pouco amido (seta); (d) com mais de um poro visualizados nas setas; (e) vazio; (f) pólen com três poros (setas) e de tamanho maior com pouco amido.

Fotos: Zimmermann, L.S. (2015) - estagiária de iniciação científica da Embrapa Trigo.

4. CONCLUSÃO

Os estudos citogenéticos permitem analisar e inferir sobre a estabilidade genética, tanto nos parentais como nas gerações segregantes, representando excelentes ferramentas para a identificação e seleção dos melhores genótipos, bem como potencializando esse tipo de estudo, tanto na caracterização de germoplasma como na seleção assistida em programas de melhoramento genético de triticale.

REFERÊNCIAS

- BAIER, A.C.; NEDEL, J.L. Triticale breeding in Brazil. Genetics and breeding of triticale. Clemont-Ferrand: Instituto National de La Recherche Agronomique, p.497-502, 1984.
- BENTO, M.; PEREIRA, S.H.; ROCHETA, M.; GUSTAFSON, P.; VIEGAS, W.; SILVA, M. Polyploidization as a Retraction Force in Plant Genome Evolution: Sequence Rearrangements in Triticale. PLoS ONE, v. 1, e1402, 2008.
- BRAMBATTI, A. Viabilidade polínica e hibridização genômica in situ aplicada ao melhoramento de triticale. 85f. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, 2010.
- BRAMBATTI, A.; BRAMMER, S.P.; WIETHÖLTER, P.; NASCIMENTO JUNIOR, A. Estabilidade genética em triticale estimada pela viabilidade polínica. Arquivos do Instituto Biológico, v.83, p.1-7, 2016.
- BRAMMER, S.P.; NASCIMENTO JUNIOR, A.; RADIN, A.; BAIER, A.C.; IORCZESKI, E.; FERNANDES, M.I.B.M.; ZANATTA, A.C.A.; MILACH, S.C.K. Análise citológica e molecular de genótipos de Triticale. In: Anais da VIII Reunião Brasileira de Pesquisa de Triticale, p. 93-98, 2002.
- BRAMMER, S.P.; VASCONCELLOS, S.; POERSCH, L.B.; OLIVEIRA, A.R.; VIDAL, A.C.B. Genomic in situ Hybridization in Triticeae: A Methodological Approach In: ANDERSEN, S.B. (Ed.). Plant Breeding from Laboratories to Fields. In Tech, 2013, v.01, p. 3-22.
- BRAMMER, S.P.; IORCZESKI, E.J.; BONATO, A.L.V.; ALBUQUERQUE, A.C.S.; SCAGLIUSI, S.M.M.; NASCIMENTO JUNIOR, A.; BAGGIO, M. I.; PRESTES, A.M.; BRASILEIRO-VIDAL, A.C.; GUERRA, M.; CARDOSOS, M.B.; ZANETTINI, M.H.; KALTCHUK-SANTOS, E. Atividades de pesquisa em citogenética molecular do Núcleo de Biotecnologia Aplicada a Cereais de Inverno (NBAC) da Embrapa Trigo. In: Reunião da Comissão Sul-brasileira de Pesquisa de Trigo e de Triticale, 2006. Disponível: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/129848/1/ID43137-2006reuniaotrigo-CD-164fito1.pdf>.
- BRAMMER, S. P.; FRIZON, P.; URIO, E.A. Caracterização citogenética em genótipos de trigo: presença de micronúcleos e viabilidade polínica. In: SILVA NETO, B.R. Inventário de recursos genéticos. Ponta Grossa, PR. Editora Atena, 2019, p.1-12.
- BRAMMER, S. P.; CARGNIN, A.; KIIHL, T.A.M.; TEIXEIRA, T.; CASASSOLA, A.; CECCON, C.C. Morpho-agronomic, cytogenetic and molecular characterization of synthetic wheat accessions as a potential germplasm for plant breeding. Journal of Agricultural Sciences Research, v.1, p.1-13, 2021.
- BRASILEIRO-VIDAL, A.C.; GUERRA, M. Citogenética molecular em cereais. In: BRAMMER, S.P.; IORCZESKI, E.J. (Org.). Atualização em técnicas celulares e moleculares aplicadas ao melhoramento genético vegetal. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2002. p. 277-298.
- CARVALHO, F.I.F.; NASCIMENTO JUNIOR, A.; PIANA, C.F.B. Triticale In: BARBIERI, R.L.; STUMPF, E.R.T. (ORGS.). ORIGEM E EVOLUÇÃO DE PLANTAS CULTIVADAS. BRASÍLIA, DF: ED. EMBRAPA INFORMAÇÃO Tecnológica, 2008, p. 854-890.

CORRÊA, S.G.M.; ROSA, S.P.; NASCIMENTO JUNIOR, A.; BRAMMER, S.P.; VIÉGAS, J. Comportamento Meiótico de genótipos de Triticale Hexaploide. Disponível em: http://www.ufpel.edu.br/cic/2006/arquivos/CB_00891.rtf, 2006.

FALCÃO, T.M.M.A.; MORAES-FERNANDES, M.I.B.; BODANESE-ZANETTINI, M.H. Genotypic and environmental effect on meiotic behavior and the influence of chromosomal abnormalities on fertility of hexaploid Triticale (X Triticosecale Wittmack). *Revista Brasileira de Genética*, v.4, n.4, p.611-624, 1981.

FRIZON, P.; BRAMMER, S. P.; LIMA, M. I. P. M.; CASTRO, R. L. D.; DEUNER, C. C. Genetic stability in synthetic wheat accessions: cytogenetic evaluation as a support in breeding programs. *Ciência Rural*, v.47, e20160314, 2017.

FRIZON, P.; BRAMMER, S.P.; DEUNER, C.C.; CHECHI, A.; LIMA, M.I.P.M.; SCHEEREN, P.L. Genetic stability in interspecific hybridizations of wheat populations determined by meiotic index and pollen viability. *Biotemas*, v.34, p.1-9, 2021.

GIACOMIN, R.M.; ASSIS, R.; BRAMMER, S.P.; NASCIMENTO JUNIOR, A.; DA-SILVA, P.R. Backcrossing to increase meiotic stability in triticale. *Genetics and Molecular Research*, v.14, p.11271-11280, 2015.

GUERRA, D.; PACHECO, M.T.; FERERIZZI, L.C. Analysis of self-fertilization and meiotic behavior of eleven Brazilian triticale cultivar sat two sowing dates. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.11, p.114-124, 2011.

HOHMANN, U.; ZOLLER, J.; HERRMANN, R.G.; KAZMAN, M.E. Physical mapping and molecular-cytogenetic analysis of substitutions and translocations involving chromosome 1D in synthetic hexaploid triticale. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 98, p. 647-656, 1999.

Jouve, N.; Dfez, N.; Rodriguez, M. C-Banding in 6x-Triticale X Secale cereale L. *Hybrid Cytogenetics. Theoretical and Applied Genetics*, v. 57, p.75-79, 1980.

KWIATEK, M.T; NAWRACATA, J. Chromosome manipulations for progress of triticale (xTriticosecale) breeding. *Plant Breeding*, v.137, p.823–831, 2018.

LAUGEROTTE, J.; BAUMANN, U.; SOURDILLE, P. Genetic control of compatibility in crosses between wheat and its wild or cultivated relative. *Plant Biotechnology Journal*, v.20, p.812–832, 2022.

MARTIN. J.; HESEMANN, C.U. Cytogenetic investigations in wheat, rye and triticale. I. Evaluation of improved Giemsa C- and fluorochrome banding techniques in rye chromosomes. *Heredity*, v. 61, p. 459-467, 1988.

MUNARETTO, D.; BRAMMER, S.P.; LÂNGARO, N.C.; MINELLA, E.; LIMA, M.I.P.M. Viabilidade polínica e inferência da estabilidade genética em genótipos de cevada. *Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento nº 95/Embrapa Trigo*, 17p. Disponível em:

<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/222525/1/BolPesqDes-95-online-2021.pdf>, 2020.

NASCIMENTO JUNIOR, A.; BAIER, A.C.; TEIXEIRA, M.C.C.; WIETHÖLTER, S. Triticale in Brazil. In: MERGOUN, M.; GOMEZ-MACPHERSON, H. (Org) Triticale Improvement and Production. Roma: FAO, 2004.

NASCIMENTO JUNIOR, A.; SCHEEREN, P.L.; SILVA, M.S.; CAIERÃO, E.; EICHELBERGER, L.; LIMA, M.I.P.M.; BRAMMER, S.P.; ALBUQUERQUE, A.C.S. BRS Minotauro - Triticale Cultivar. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.8, p.174-176, 2008.

OETTLER, G. The fortune of a botanical curiosity – Triticale: past, present and future. Journal of Agricultural Science, v.143, p. 329-346, 2005.

PAGLIARINI, M.S. Meiotic behavior of economically important plant species: the relationship between fertility and male sterility. Genetics and Molecular Biology, v.23, p. 997-1002, 2000.

PEÑALOZA, A.D.P.S.; POZZOBON, M.T. Caracterização Citogenética de Germoplasma Vegetal. In: NASS, L. L. (Ed.). Recursos Genéticos Vegetais. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 308-342.

ROSA, P.S.; CORRÊA, M.G.S.; NASCIMENTO JUNIOR, A.; BRAMMER, S.P.; VIÉGAS, J. (2006) Análise de tétrades e grãos de pólen em triticale hexaploide. Disponível em:

http://www2.ufpel.edu.br/cic/2006/resumo_expandido/CB/CB_00895.pdf, 2006.

TONIAZZO, C.; BRAMMER, S.P.; CARGNIN, A.; WIETHÖLTER, P. Ocorrência de micronúcleos e inferência da instabilidade genética em acessos de trigos sintéticos. Boletim de pesquisa e desenvolvimento online n° 88/Embrapa Trigo, 18p. Disponível em:

<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/177641/1/ID44329-2017BPDO88.pdf>, 2018.

ZHANG, X.Q.; WANG, X.P.; JING, J.K.; ROSS, K.; HU1AND, H.; GUSTAFSON, J.P. Characterization of wheat-triticale doubled haploid lines by cytological and biochemical markers. Plant Breeding, v.117, p.7-12, 1998.

ZHOU, J.P.; YANG, Z.L.; FENG, J.; ZHANG, X.J.; LI, G.F.; REN, Z.L. Morphological, Cytogenetic and Molecular Identification of a New Triticale. Cereal Research Communications, v.35, p.1385–1395, 2007.

ZANOTTO, M.; BRAMMER, S.P.; NASCIMENTO JUNIOR, A.; SCAGLIUSI, S.M. Viabilidade polínica como seleção assistida no programa de melhoramento genético de triticale. Ciência e Agrotecnologia, v.33, p.2078-2082, 2009.

ZIMMERMANN, L.S.; NASCIMENTO JUNIOR, A.; BRAMMER, S.P.; CAVERZAN, A. Índice Meiótico e Estabilidade Genética em Triticale. In: IX Mostra de Iniciação Científica da Embrapa Trigo e VI Mostra de Pós-Graduação da Embrapa Trigo, Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2014. v. 1. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/125414/1/2014-Mostra.pdf>.

WATANABE, E. Caracterização físico-química e reológica de triticale (X Triticosecale Wittmack) visando à aplicação em biscoito tipo cookie. 73 f. Dissertação (Mestrado em Tecnologia de Alimentos) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Londrina, 2016.

Capítulo 3



10.37423/220706267

DETERMINAÇÃO GENÉTICA DO SEXO E HEREDITARIEDADE LIGADA AOS CROMOSSOMOS SEXUAIS: UMA REVISÃO

Marcelo Henrique Santos

Universidade do Estado de Mato Grosso

Carine Zunto Lucca

Universidade do Estado de Mato Grosso

Marcos Corbellini

Universidade do Estado de Mato Grosso

Vanessa Reniele

Universidade do Estado de Mato Grosso

Pollyana Rocha

Universidade do Estado de Mato Grosso

Eduardo Fuza

Universidade do Estado de Mato Grosso

José Pereira da Rocha

Universidade do Estado de Mato Grosso

Vitor da Conceição Florindo

Universidade do Estado de Mato Grosso

Isane Vera Karsburg

Universidade do Estado de Mato Grosso



Resumo: Entender os mecanismos que determinam o sexo biológico nos organismos e a herdabilidade ligada ao mesmo sempre foi uma questão pertinente a pesquisadores da área da genética, com o avanço da biologia molecular diversas pesquisas se aprofundaram no tema trazendo respostas a questões importantes que ajudaram na compreensão desse tema tão complexo. Nesse contexto essa revisão abordou os diferentes mecanismos que interagindo entre si determinam o sexo biológico nos organismos e a influência que o mesmo exerce sobre sua prole, além de abordar sobre a herdabilidade ligada ao sexo, as diferentes formas de reprodução, e como o sexo é determinado em diferentes espécies. A partir dessa revisão esperamos fornecer um compilado de informações e resultados promissores na área da determinação genética do sexo e a sua herdabilidade.

Palavras-chave: Genótipo, Fertilização, Variabilidade genética.

1. INTRODUÇÃO

Biologicamente a principal função do sexo é a reprodução, porém existem muitos animais e plantas que se propagam de forma assexuada, sem a fertilização, tendo o sexo uma segunda função importante, a recombinação genética sendo um mecanismo utilizado como meio para aumentar variabilidade genética. Essa pauta começou a ser amplamente discutida após a explosão de pesquisas na área de biologia molecular, que se iniciou a partir de 1980, com o avanço da ciência e aprimoramento de conhecimentos biomoleculares foi proposto que o sexo é fundamental para ampliar a variabilidade genética na natureza, através da recombinação e segregação gênica ocorrida na meiose. Esse processo biológico conhecido como crossing-over teve papel crucial na ampliação da diversidade genética e evolução das espécies.

Os estudos acerca dos cromossomos sexuais começaram a ser datados em meados de 1900 pelo pesquisador Thomas Hunt Morgan, que investigou os cromossomos sexuais na *Drosophila melanogaster* (GRIFFITHS et al., 2013). Em 1905 ficou comprovado a existência dos cromossomos sexuais por Wilson e Stevens, em seus trabalhos de existência dos cromossomos sexuais nos insetos. Atualmente, sabe-se que a herança sexual se encontra nos genes sexuais denominados de alossômicos (XX fêmea, XY macho).

A determinação sexual resulta em indivíduos com fenótipo que permite serem identificados como machos, fêmeas e hermafroditas, ou seja, espécies com dimorfismo sexual, estas diferenças podem ser mais ou menos notórias. Em muitos casos a determinação do sexo vai depender de muitos fatores, como nas plantas em que os mecanismos que irão determinar a sexualidade delas passa por fatores genéticos, epigenéticos e fisiológicos, existindo uma grande variedade de mecanismos regulatórios.

Em se falando de evolução, diversos organismos vivos não apresentam mais cromossomos sexuais, como os anfíbios, répteis, a maioria dos peixes, entre outros. Os cromossomos sexuais desses indivíduos têm sofrido diferenciação, uma vez que, a determinação sexual acontece por meio de genes que são responsáveis pela produção de hormônios sexuais (RAMALHO et al., 2012).

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

A revisão bibliográfica do atual artigo foi realizada tendo como base artigos científicos que tratam acerca da herança genética ligada ao sexo.

3. DETERMINAÇÃO GENÉTICA DO SEXO

Nas células, existem cromossomos sexuais e cromossomos autossomos, esses cromossomos sexuais permitem a definição de características do indivíduo relacionados diretamente com a manifestação do sexo, seja masculino ou feminino. Já os cromossomos autossomos não estão diretamente relacionados ao sexo, mas podem estar alguns genes ali presentes relacionados. Existem basicamente três sistemas de determinação do sexo: XY, XO e ZW.

3.1 SISTEMA SEXUAL XX-XY

Em diversas espécies, os machos e as fêmeas possuem o mesmo número de cromossomos. A diferença é que, as células das fêmeas têm dois cromossomos X (XX), garantindo a fêmea a característica homogamética e as células dos machos têm um cromossomo X e um cromossomo menor Y (XY), tornando os machos geneticamente diferentes das fêmeas sendo denominados como heterogaméticos.

Nesse sistema o sexo do indivíduo é determinado no momento da fecundação. A maioria dos animais vertebrados, insetos, e até mesmo plantas dióicas, como o lúpulo e o cânhamo, se enquadram nesse sistema onde os machos são heterogaméticos ($n+XY$) e as fêmeas são homogaméticas ($n+XX$). Assim, a determinação do sexo, se estabelece pelo arranjo formado entre o cromossomo X originário da fêmea e o cromossomo X ou Y originário do gameta masculino, sendo então o macho quem determina o sexo do seu descendente.

O que torna o cromossomo Y o determinante do sexo em mamífero é a presença de um gene, chamado SRY (Sex-Determining Region of Y Chromosome) também denominado TDF (Testis Determining Factor). Este desenvolve as gônadas, originando um testículo que irão produzir andrógeno (testosterona) por meio das células de Leydig que são secretadas no corpo o que desencadeará o desenvolvimento do sexo fenotípico masculino, em sua ausência desenvolve-se as genitais femininas (Berta, 1990).

Quando temos a ocorrência de cromossomos sexuais heteromórficos (XY) não condiciona necessariamente que os genes localizados neles irão definir o sexo, temos exemplo da *Rumex acetosa*, em que o fator determinante do sexo é a proporção entre cromossomos X e autossomos, sendo o cromossomo Y nulo nessa expressão fenotípica (WESTERGAARD, 1958).

No início, imaginava-se que o mecanismo de determinação do sexo em *Drosophila*, era idêntico ao observado em mamíferos. Contudo, com decorrer dos estudos foi identificado que o sexo nelas, é

determinado por um balanço entre a relação de cromossomos X e o número de conjuntos autossômicos, podendo originar além de indivíduos normais, vários tipos sexuais, concluindo então, que o cromossomo Y não é essencial para o desenvolvimento do fenótipo macho, embora seja determinante para a fertilidade.

3.2 SISTEMA SEXUAL XO

No sistema XO, existe apenas um cromossomo sexual, o 0 nesse caso indica a ausência do cromossomo Y, sendo então: indivíduo XX (sexo feminino) e indivíduo XO (sexo masculino), isso resulta em números pares de cromossomos para as fêmeas e números ímpares para os machos. As fêmeas sempre produzirão gametas com um cromossomo X, enquanto os machos podem produzi-los com um cromossomo X ou não, ficando com apenas cromossomos autossomos (ARAÚJO, 2017). Portanto, o macho é heterogamético e a fêmea, homogamética.

O sistema XO é encontrado em alguns insetos, como percevejos, grilos, baratas, besouros e gafanhotos, além dos nematóides, mas também é observado, por exemplo, em galinhas domésticas e alguns répteis.

Mesmo nesse caso o macho possuindo apenas um cromossomo X, com número ímpar de cromossomo, é ele o heterogamético e quem determina o sexo de seus descendentes. A fêmea, por sua vez, contém dois cromossomos X, homogamética, e produz apenas um tipo de gameta.

3.3 SISTEMA SEXUAL ZW

Esse sistema ocorre em pássaros, insetos da ordem lepidóptera (borboletas e mariposas), e também em alguns peixes, dada sua variedade de mecanismos de determinação (Ezaz, 2006).

No sistema ZW, existem dois cromossomos sexuais, W e Z. O macho possui dois cromossomos sexuais idênticos (ZZ) produzindo, conseqüentemente, um único tipo de gameta, sendo os indivíduos homogaméticos. Os indivíduos heterogaméticos, ZW, são as fêmeas, e, portanto, quem determina o sexo da descendência. Os machos têm dois cromossomos sexuais idênticos (ZZ) produzindo, conseqüentemente, um único tipo de gameta. A fêmea é heterogamética e, portanto, quem determina o sexo da descendência. Para evitar que confundam com o sistema XX-XY, os cromossomos sexuais nesse sistema são chamados de Z ou W. As fêmeas são ZW e os machos são ZZ.

4. DETERMINAÇÃO DO SEXO EM ABELHAS

Houve um tempo em que a partenogênese foi considerada a base da determinação do sexo nas abelhas. Entendia-se, então, que se houvesse um sistema cromossômico (haplóide), era masculino e se tivesse dois sistemas cromossômicos (diplóide) era feminino. Embora essa seja uma explicação razoável, essa teoria agora é conhecida como falsa (BARBOSA, 2015).

Estudos revelam a existência do gene *csd* (complementary sex determiner) como sinal primário no desenvolvimento sexual de abelhas. O gene possui de onze a dezenove alelos diferentes (MACKENSEN, 1955; LAIDLAW et al., 1956; ADAMS et al., 1977).

Existe uma regra muito simples para determinar o sexo nas abelhas. Se houver dois alelos sexuais diferentes, a abelha se tornará uma fêmea (trabalhadora ou rainha). Se houver apenas um tipo de alelo presente, a abelha se tornará um zangão (BOSCOLLI e KERR, 2008).

Quando fertilizada, a rainha conserva no receptáculo seminal uma quantidade suficiente de espermatozoides que poderão ser utilizados durante toda a sua vida. Se os ovos forem fertilizados e, portanto, o descendente herdar os dois alelos diferentes do gene *csd*, as proteínas codificadas por eles combinam-se para desencadear o desenvolvimento de uma fêmea diplóide. A diferenciação em rainha ou operária irá depender do tipo de alimentação que a larva receberá, se ela for alimentada com geleia real será desenvolvida uma rainha. O sistema falha quando um ovo fertilizado herda duas cópias do mesmo alelo do gene, resultando em um macho diplóide, porém, ele não chega à fase adulta uma vez que as operárias os utilizam como alimento ainda em fase larval (BEYE et al., 2003).

Então, compreende-se que, nas abelhas, as fêmeas (trabalhadoras e rainhas) se desenvolvem a partir de óvulos fertilizados, preservando o número diplóide $2n$ de cromossomos da espécie (32 cromossomos), enquanto os machos normais se desenvolvem a partir de óvulos não fertilizados eles têm apenas o número haplóide (n) dos cromossomos da mãe (16 cromossomos). Dessa maneira, nos drones, os genes que controlam um personagem não são encontrados em pares, mas sempre encontram um alelo (BARBOSA, 2015).

5. DETERMINAÇÃO DO SEXO EM PLANTAS

A determinação sexual das plantas está altamente ligada a processos genéticos. Uma parte das plantas é estabelecida pelos cromossomos sexuais XY e ZW, e a outra parte é hermafrodita, ou seja, são plantas com os órgãos masculino e feminino da mesma flor.

Algumas plantas são de expressão sexual por genes, dividindo-se em dióicas, que apresentam órgãos masculinos e femininos em plantas diferenciadas; monóicas, que possuem órgãos masculinos e flores femininas separadas; e polígama que, apresenta flores monóclinas e diclínicas num mesmo indivíduo.

Outro tipo de controle genético bastante frequente em plantas é aquele efetuado não por cromossomos sexuais, mas sim por genes autossômicos. Na realidade, a grande maioria das plantas superiores não apresentam cromossomos sexuais. Um exemplo de controle da expressão sexual por intermédio de genes autossômicos ocorre em pepino, *Cucumis sativus*. Nessa planta, o tipo sexual mais comum é o monóico, ocorrendo também os tipos ginóico, andromonóico e hermafrodita. As plantas ginóicas produzem apenas flores femininas, enquanto as androgínóicas possuem flores masculinas e hermafroditas na mesma planta. Essas expressões sexuais são controladas por dois genes F e M, que se interagem da seguinte forma: ff MM; ff Mm: monóica; FF MM; FF Mm: ginóica; FF mm; Ff mm: hermafrodita; ff mm: andromonóica.

Acredita-se que em plantas monóicas, por causa do local ou ambiente em que estão, os genes são inibidos, alguns surgem e expressam flores masculinas ou fêmeas em diferentes locais da planta. Essas espécies apresentam cromossomos sexuais holomórficos (RAVEN; EVERT; EICHHORN, 2001). O sexo não é determinado apenas pelos cromossomos, mas por um ou mais genes. O gene corresponde a uma série alélica em que o macho é dominante sobre o hermafroditismo e recessivo sobre o sexo feminino (GRIFFITHS et al., 2013). Algumas espécies têm uma forma monóica ou uma forma dioica de acordo com sua localização geográfica, o que comprova que o ambiente pode influenciar esse fator.

Os vários tipos de expressão sexual no pepino permitem a produção de sementes híbridas de uma maneira bastante simples. Para isso, basta que um dos genitores do híbrido seja uma linha ginóica. Nesse caso, toda semente produzida pelas plantas ginóicas são necessariamente híbridas, uma vez que as mesmas devem receber pólen de outras plantas que possuem flores masculinas. Como as plantas ginóicas só possuem flores femininas, sua manutenção é feita pela aplicação de giberelina, a qual induz, temporariamente, a produção de flores masculinas, permitindo, assim, a autofecundação da planta fêmea. (RAMALHO et al. 2012).

6. GENES MASCULINIZANTES E FEMINILIZANTES

Anteriormente, comentamos que a determinação do sexo era explicada por cromossomos sexuais que determinam quem será o macho e quem será a fêmea, contudo existem evidências em algumas espécies na presença de genes e alelos que determinam também o sexo biológico, então podemos

dizer que existem genes masculinizantes e genes feminilizantes que estão presentes em cromossomos autossomos.

Um exemplo é a expressão sexual em peixes do gênero *Sarotherodon* (tilápia) em função dos genes sexuais com relação aos autossomos. Nesse caso a determinação do sexo na tilápia depende de um gene autossômico, associado a três cromossomos sexuais (X, W e Y). Para determinar a ordem em função do macho, se faz da seguinte maneira: O Y é mais determinante para surgir macho, quando comparado ao W e esse comparado ao X, ou seja: Y> W> X (cromossomos com relação à masculinidade) (Chan e Yeung, 1983).

Considerando simultaneamente os cromossomos sexuais e o gene autossômico, são possíveis 18 constituições genéticas diferentes. Quando o gene está em homozigose recessiva aa ele orienta para formação do sexo feminino de modo que se houver uma cópia do gene AA orienta para a formação do sexo masculino, conforme tabela a seguir.

Tabela 1. Expressão sexual em peixes do gênero *Sarotherodon* (tilápia) em função dos cromossomos sexuais e do gene autossômico.

Cromossomos Sexuais	Genótipos		
	AA	Aa	aa
YY	♂	♂	♂
WY	♂	♂	+
XY	♂	♂	+
WW	♂	+	+
WX	+	+	+
XX	+	+	+

Fonte: Avtalion e Hammerman (1978)

Do ponto de vista comercial, o macho ganha peso muito mais rápido quando comparado a fêmea, logo cruzamentos que produzem descendência de 100% machos são altamente desejados, permitindo assim uma maior otimização de produção de proteínas a partir desse sistema produtivo

7. HEREDITARIEDADE EM RELAÇÃO AO SEXO

A teoria cromossômica da herança propõe que os padrões de herança de traços podem ser explicados pelo padrão de transmissão dos cromossomos durante a gametogênese e fertilização e se expressam de forma particular em algum aspecto nos indivíduos de sexos diferentes. Esses traços podem ocorrer

em decorrência de genes situados nos cromossomos sexuais, cuja herança é explicada pela passagem dos cromossomos sexuais dos genitores para os filhos e é denominada de herança ligada ao sexo.

Porém, também existem características que são controladas por genes situados em cromossomos autossômicos, mas sofrem influência do sexo, especialmente de hormônios sexuais. Esses últimos caracteres apresentam dois tipos de controle genético: a herança influenciada pelo sexo e a herança limitada ao sexo. (RAMALHO, 2012).

7.1 HERANÇA LIGADA AOS CROMOSSOMOS SEXUAIS

É observado principalmente em animais havendo um sexo homogamético e outro heterogâmico. Apesar de serem, esses cromossomos, os principais responsáveis pela determinação do sexo, eles podem possuir também outros genes não diretamente relacionados com o sexo.

As características ligadas ao sexo são muito utilizadas na sexagem de animais sendo muito útil a criadores, uma vez que a separação do sexo é realizada pelo fenótipo dos animais

Um exemplo interessante sobre os cromossomos sexuais é a cor da pelagem em gatos, as cores amarela e preta devem-se, respectivamente, aos alelos E e, situados no cromossomo X, e ocorre também a cor branca, em razão de um controle genético autossômico. No caso da fêmea, ela poderá ser XEXE, ou seja, amarela e branca; XeXe, preta e branca e XEXe, amarela, preta e branca. Já, os machos só podem ser XEY, amarelo e branco e XeY, preto e branco. Dessa forma, explica-se o fato amplamente conhecido pela comunidade de que todos os animais de três cores são sempre fêmeas (RAMALHO, 2012).

7.2.HERANÇA INFLUENCIADA PELO SEXO

Na herança influenciada pelo sexo, o efeito de genes autossomais é afetado pelas características hormonais e fisiológicas do sexo em que se encontra. É possível observar essa influência nas características de indivíduos heterozigotos que expressam diferentes fenótipos dependendo do sexo, já em homozigotos o gene se expressa igualmente em ambos os sexos (UFV, 2016).

Como exemplo dessa influência pode ser citada a calvície que possui o seguinte mecanismo genético

Tabela 2. Mecanismo genético da calvície

Genótipo	Homem	Mulher
AA	Calvo	Calva
Aa	Calvo	Não calva
aa	Não calvo	Não calva

Nesse caso, o alelo A determina a calvície e o alelo a determina a persistência de cabelos. O alelo A domina a, quando em um genótipo do indivíduo do sexo masculino, porém em indivíduos do sexo feminino ocorre o contrário, o alelo a domina o alelo A.

7.3 HERANÇA LIMITADA PELO SEXO

Essa condição determina que um dos sexos apresenta um único fenótipo, para qualquer que seja seu genótipo. A segregação fenotípica ocorre apenas no sexo oposto (UFV, 2016).

Exemplos claros dessa característica são as vacas de leite e galinhas poedeiras, os machos dessas espécies não produzem leite ou ovos, porém tem papel fundamental na determinação da quantidade e qualidade desses produtos em suas crias fêmeas uma vez que, apesar de não expressarem fenotipicamente, possuem os alelos envolvidos na produção dos mesmos. Sendo assim, o maior ou menor potencial para produção de leite e ovos é avaliado pelo comportamento de suas crias fêmeas obtidas pelo cruzamento dos machos de determinada espécie com diversas fêmeas (RAMALHO, 2012).

8. CONCLUSÃO

Essa revisão abordou a determinação genética do sexo e os diferentes tipos de herança relacionados aos cromossomos sexuais, sendo elas, sistema sexual XX-XY, sistema sexual XO e sistema sexual ZW, além de discorrer sobre como ocorre a determinação do sexo em abelhas e plantas.

Como perspectivas para trabalhos futuros é importante ressaltar que os avanços na biologia molecular têm contribuído de forma significativa para uma maior compreensão acerca da herdabilidade sexual

dos organismos e como diversos fatores biológicos interagem entre si para formar o que conhecemos como o sexo biológico. Portanto é de suma importância que pesquisas científicas continuem sendo feitas acerca desse tema, afim de melhorar o entendimento que já possuímos sobre o mesmo, além de trazer novas descobertas e avanços ao campo.

REFERÊNCIAS

- ARAÚJO, D. D. Cromossomos sexuais em aranhas: de “acessórios” em 1900 a estrelas principais no século XXI. *Semina*, v. 38, n. 1, supl. 2017. Disponível em: <http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/seminabio/article/view/29207>. Acesso em: 18 mar. 2021
- RAMALHO, M. A. P. et al. *Genética na agropecuária*. 5. ed. Lavras: UFLA, 2012.
- GRIFFITHS, A. J. et al. *Introdução à Genética*. 10. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2013.
- WESTERGAARD, M. The mechanism of sex determination in dioecious flowering plants. *Advances in Genetics*, v.9, p.217-281, 1958.
- EZAZ, Rami Stiglec, Frederic Veyrunes. Relationships between Vertebrate ZW and XY Sex Chromosome Systems. Review. *Current Biology* 16, R736–R743, September 5, 2006.
- P, BERTA. Genetic evidence equating SRY and the testis-determining factor. 1990. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/2247149/#:~:text=The%20testis%2Ddetermining%20factor%20gene,the%20properties%20expected%20for%20TDF..> Acesso em: 03 jul. 2022
- Chan STH, Yeung WSB. Sex control and reversal in fish under natural conditions. In: Hoar WS, Randall DJ, Donaldson EM (Ed. *Fish physiology*: IX. San Diego, CA: Academic Press, 1983. p.171-220.
- BARBOSA, W.F.; TOMÉ, H.V.V.; BERNARDES, R.C.; SIQUEIRA, M.A.L.; SMAGGHE, G.; GUEDES, R.N.C. Biopesticide-induced behavioral and morphological alterations in the stingless bee *Melipona quadrifasciata*. *Environmental Toxicology and Chemistry*, v.34, p.2149-2158, 2015. DOI: 10.1002/etc.3053.
- Mackensen, O. (1955). Further studies on a lethal series in the honey bee. *J. Hered.* 46: 72-74.
- Laidlaw, H.H., Gomes, F.P. and Kerr, W.E. (1956). Estimation of the number of lethal alleles in a panmitic population of *Apis mellifera*. *Genetics* 41: 179-188.
- Adams, J., Rothman, E.D., Kerr, W.E. and Paulino, Z.L. (1977). Estimation of the number of sex alleles and queen matings from diploid male frequencies in a population of *Apis mellifera*. *Genetics* 86: 583-593.
- BOSCOLLI B. P; KERR, W. E. Levantamento do Número de alelos do Gene Complementary Sex Determiner, (Csd) Em Uma População Finita De *Melipona Scutellaris* Latreille, 1811 (Hymenoptera, Apidae, Meliponini). 2008.
- BEYE, M.; HASSELMANN, M.; FONDRK, M. K.; PAGER, R. E.; OMHOLT, S. W. The gene *csd* is the primary signal for sexual development in the honeybee and encodes an srtype protein. *Cell*, v. 114, n. 4, p. 419-429, 2003.
- CHARLESWORTH, Brian. *Measures of Divergence Between Populations and the Effect of Forces that Reduce Variability*. 1998.
- CHARLESWORTH, D. *Steps in the evolution of heteromorphic sex chromosomes*. 2005.

WRIGHT, D. et al. Validation of a Chromosomal Microarray for Prenatal Diagnosis Using a Prospective Cohort of Pregnancies with Increased Risk for Chromosome Abnormalities. *Genetic Testing and Molecular Biomarkers*, v. 00, n. 00, p. gtmb.2016.0117, 2016.

MANK, J.. Phylogenetic perspectives in the evolution of parental care in ray-finned fishes. 2006.

UFV, Universidade Federal de Viçosa. HEREDITARIEDADE EM RELAÇÃO AO SEXO. 2016. Disponível em: <http://arquivo.ufv.br/dbg/LabGen/gbol19.htm>.

RAVEN, P. H.; EVERT, R. F.; EICHHORN, S. E. *Biologia vegetal*. 6. ed. São Paulo: Guanabara Koogan, 2001.