



Universidade Estadual de Maringá
Centro de Ciências Agrárias
Departamento de Agronomia

Avaliação da diversidade genética em 15 genótipos por meio de marcadores moleculares do tipo SSR (microssatélites) e RAPD

Adriana Gonela, Helio Junior e Pedro Duhatschek

2025-06-06

Índice

1. Instalar pacotes	2
2. Carregar pacotes	2
1. Leitura dos dados RAPD	2
2. Separar identificadores e matriz binária	2
3. Calcular matriz de distância (Jaccard)	3
4. Agrupamento hierárquico (método UPGMA)	3
5. Dendrograma com rótulos dos indivíduos	3
5.1. Dendrograma com rótulos dos indivíduos coloridos	3
5.1. Dendrograma (agrupamento hierárquico)	4
6. Análise de Componentes Principais (PCA)	5
6.1. PCA (Análise de Componentes Principais)	6
7. Agrupamento com k-means (alternativa ao dendrograma)	7
8. Salvar gráficos	8
2. Leitura dos dados SSR	8
2. Visualização dos dados SSR	8
4. Calcular matriz de distância (Nei)	9
5. Dendrograma com rótulos dos indivíduos	9

Disciplina: DAG4497 – Biotecnologia Aplicada ao Melhoramento de Plantas, ministrada pela Profa. Dra. Adriana Gonela.

Elaborado por [Helio de Souza Junior](#), com [RStudio](#) usando [Rmarkdown](#) e [Quarto](#). Código disponível no [GitHub](#).

1. Instalar pacotes

```
options(repos = c(CRAN = "https://cran.r-project.org"))
install.packages(c("readxl", "dplyr", "tidyverse", "adeigenet", "vegan", "cluster", "factoextra"))
```

2. Carregar pacotes

```
library(readxl)
library(dplyr)
library(tidyverse)
library(adeigenet)
library(ape)
library(vegan)      # Para distância de Jaccard
library(cluster)    # Para clustering
library(factoextra) # Para visualização do dendrograma
```

1. Leitura dos dados RAPD

```
RAPD <- read_excel("C:/Git/EstDocenciaUEM/AULA - PRATICA/RAPD.xlsx", sheet = "RAPD")
```

```
dados1 <- RAPD |> rename(individuo = 1)
```

2. Separar identificadores e matriz binária

```
matriz_binaria <- dados1 |> select(-individuo)
nomes <- dados1$individuo
```

3. Calcular matriz de distância (Jaccard)

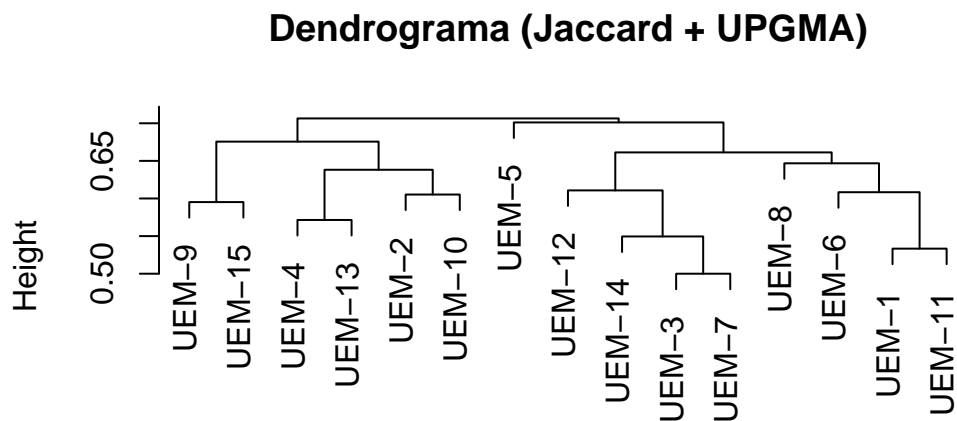
```
dist_jaccard <- vegdist(matriz_binaria, method = "jaccard")
```

4. Agrupamento hierárquico (método UPGMA)

```
cluster <- hclust(dist_jaccard, method = "average")
```

5. Dendrograma com rótulos dos indivíduos

```
# Dendrograma (agrupamento hierárquico)
plot(cluster, labels = nomes, main = "Dendrograma (Jaccard + UPGMA)", xlab = "", sub = "")
```

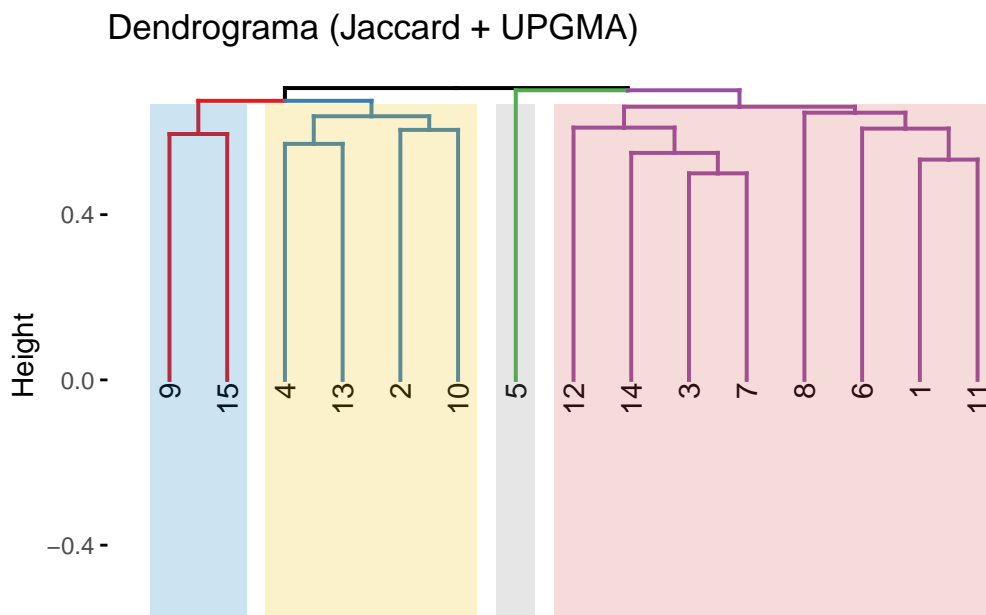


5.1. Dendrograma com rótulos dos indivíduos coloridos

```
fviz_dend(cluster,
  k = 4, # Número de grupos (ajuste conforme necessário)
  k_colors = c("#E41A1C", "#377EB8", "#4DAF4A", "#984EA3"), # Cores para os grupos
  label_cols = "black",
  rect = TRUE,
  rect_border = "jco",
  rect_fill = TRUE,
  main = "Dendrograma (Jaccard + UPGMA)",
  cex = 0.8)
```

Registered S3 method overwritten by 'dendextend':

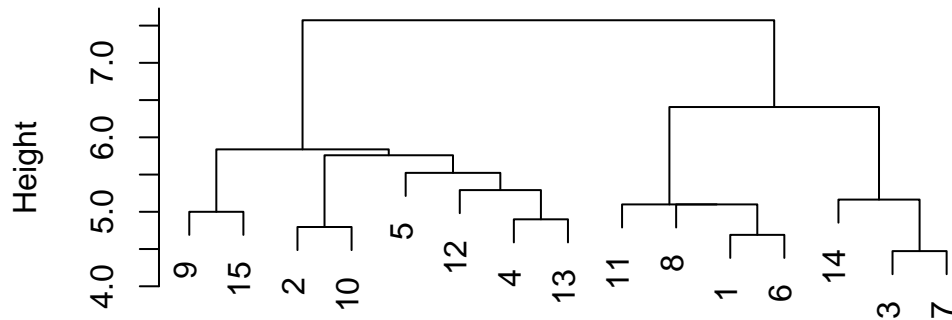
```
method      from
rev.hclust  vegan
```



5.1. Dendrograma (agrupamento hierárquico)

```
# Mostra similaridade entre indivíduos.
dist_mat <- dist(matriz_binaria)
hc <- hclust(dist_mat, method = "ward.D2")
plot(hc, main = "Dendrograma de similaridade RAPD", xlab = "", sub = "")
```

Dendrograma de similaridade RAPD

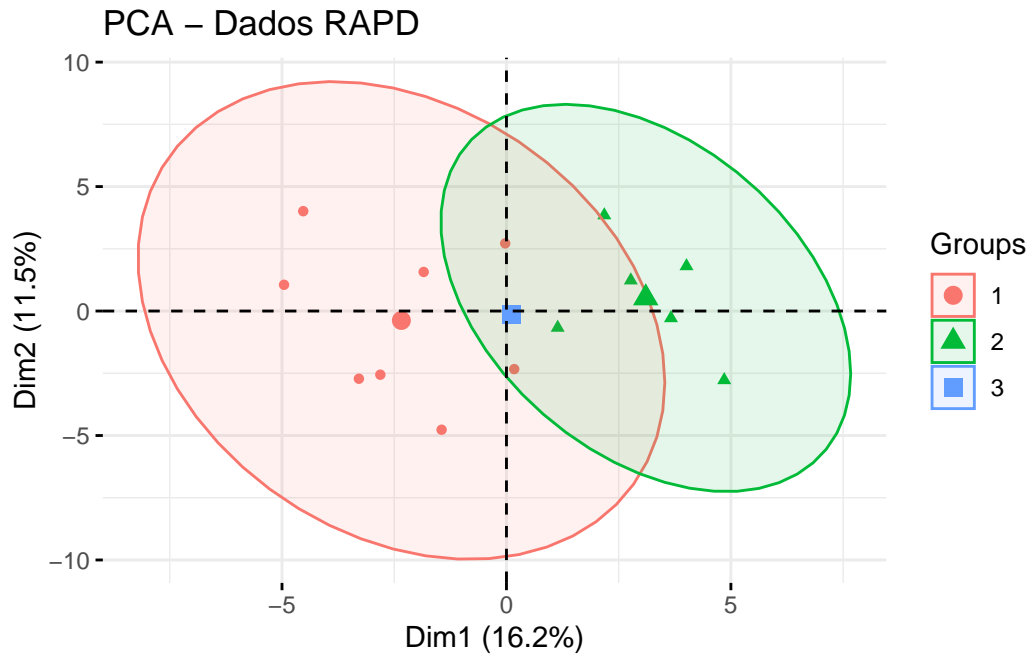


6. Análise de Componentes Principais (PCA)

```
# Padronizar a matriz binária (opcional)
pca <- prcomp(matriz_binaria, center = TRUE, scale. = TRUE)

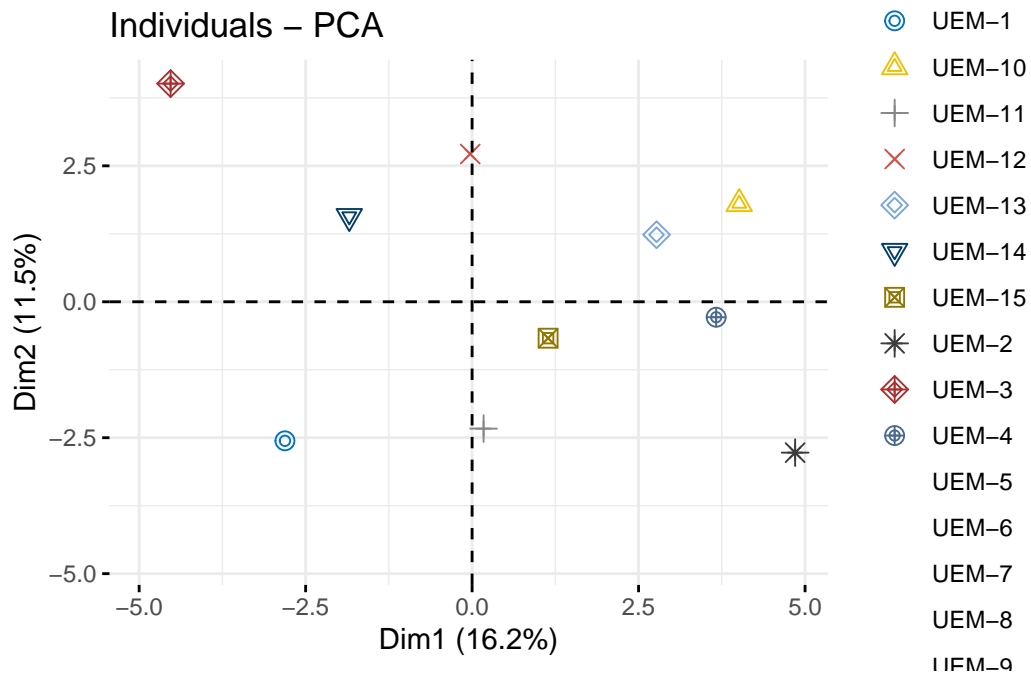
# Plotar a PCA com nomes dos indivíduos
fviz_pca_ind(pca,
  label = "none", # ou "all" para mostrar nomes
  habillage = cutree(cluster, k = 3), # colorir por grupo do dendrograma
  addEllipses = TRUE,
  title = "PCA - Dados RAPD")
```

Too few points to calculate an ellipse



6.1. PCA (Análise de Componentes Principais)

```
# PCA (Análise de Componentes Principais)
# Para visualizar agrupamentos dos indivíduos.
pca <- prcomp(matriz_binaria, scale. = TRUE)
fviz_pca_ind(pca, geom = "point", habillage = dados1$individuo, palette = "jco")
```

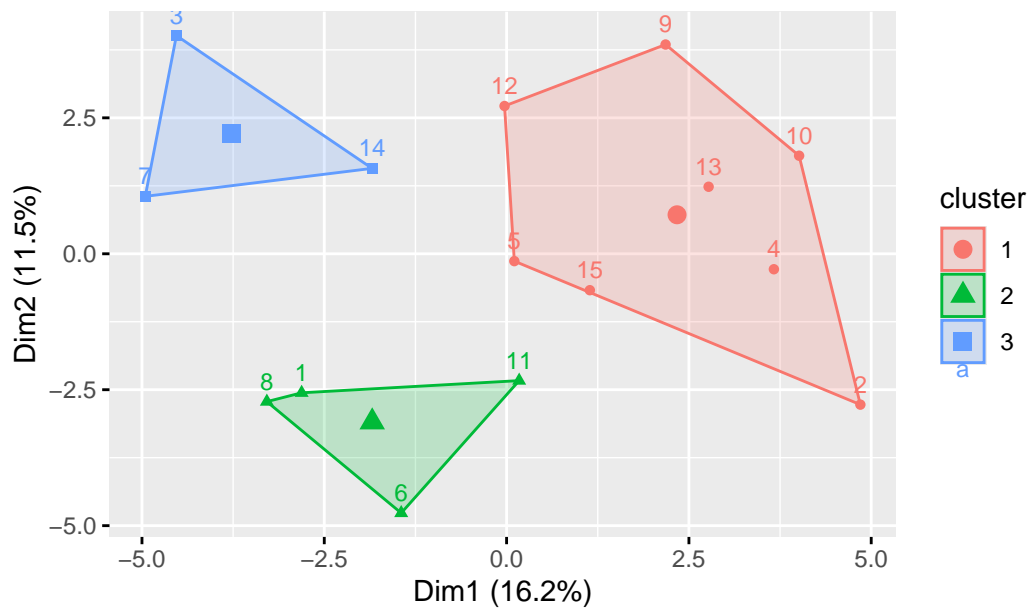


7. Agrupamento com k-means (alternativa ao dendrograma)

```
set.seed(123) # Para reprodutibilidade
km <- kmeans(matriz_binaria, centers = 3, nstart = 25)

# Visualizar os clusters na PCA
fviz_cluster(km, data = matriz_binaria,
              labelsize = 10,
              main = "K-means clustering sobre dados RAPD")
```

K-means clustering sobre dados RAPD



8. Salvar gráficos

```
ggsave("pca_rapd.png", width = 6, height = 5, dpi = 300)
```

2. Leitura dos dados SSR

```
SSR <- read_excel("C:/Git/EstDocenciaUEM/AULA - PRATICA/SSR.xlsx", sheet = "SSR") # substitua o caminho
```

New names:

```
* `` -> `...1`
```

2. Visualização dos dados SSR

```
head(SSR)
```



```
# A tibble: 6 x 7
  ...1  SSR1  SSR2  SSR3  SSR4  SSR5  SSR6
  <chr> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
1 UEM-1    13    15    13    16    11    11
2 UEM-2    45    22    15    14    16    11
3 UEM-3    35    44    25    25    26    24
4 UEM-4    25    56    33    33    36    34
5 UEM-5    75    36    44    55    54    47
6 UEM-6    25    47    55    51    42    46
```

```
# Converter para formato genind (pacote adegenet/poppr)
# Supondo que a primeira coluna é o nome da amostra
dados_genind <- df2genind(SSR[,-1], ploidy=2, sep="/", ind.names=SSR[[1]])
```

4. Calcular matriz de distância (Nei)

```
# Distância genética (ex: distância de Nei)
dist_matrix <- dist(dados_genind, method = "euclidean")
```

5. Dendrograma com rótulos dos indivíduos

```
hc <- hclust(dist_matrix, method = "ward.D2")
plot(hc, main="Dendrograma de similaridade SSR", xlab="", sub="", cex=0.8)
```

Dendrograma de similaridade SSR

