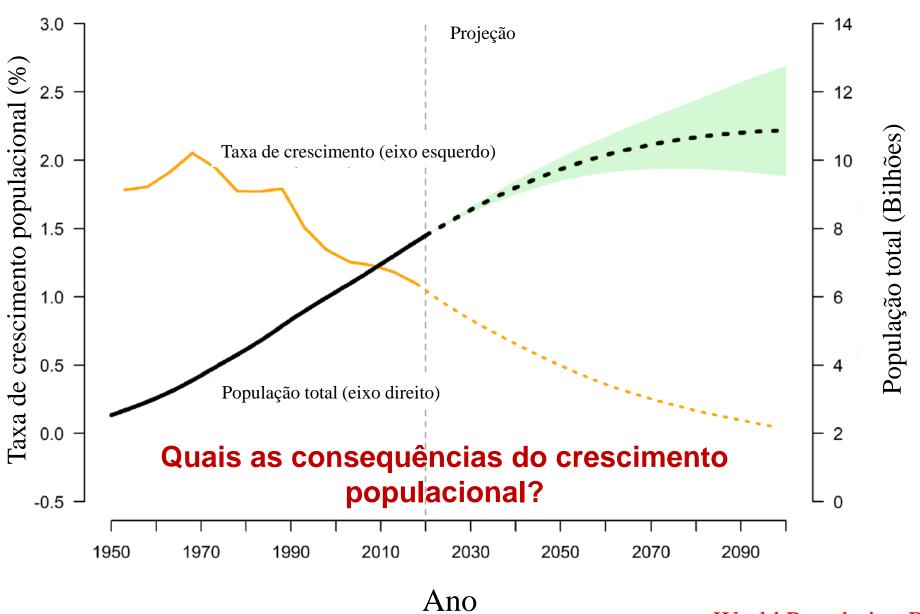
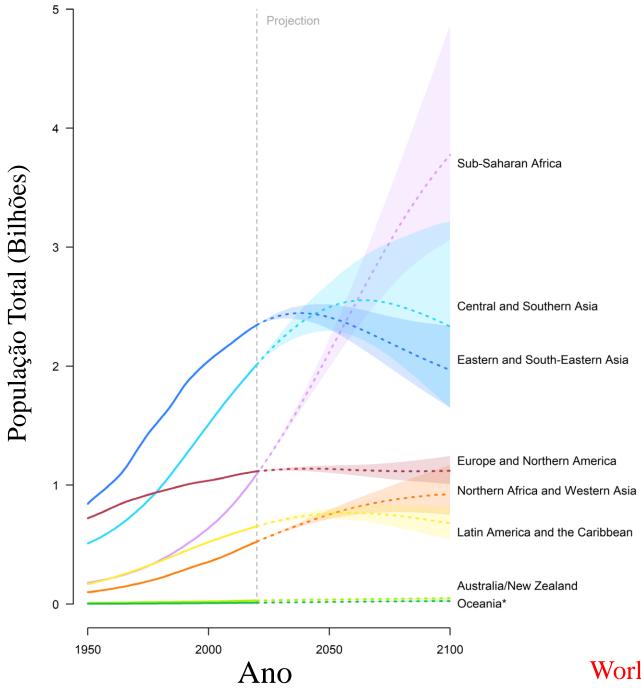


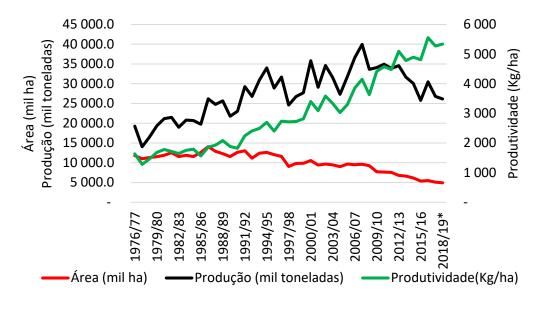
POPULAÇÃO MUNDIAL



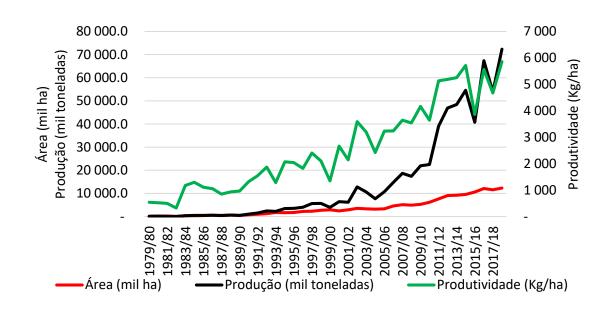


Séries Históricas - Milho

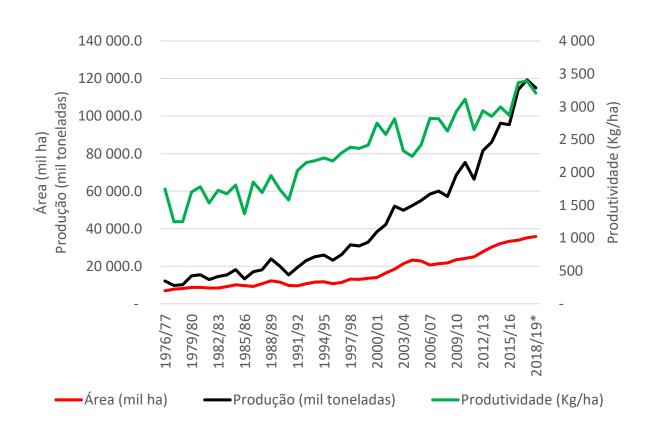
Milho 1ª Safra



Milho 2ª Safra

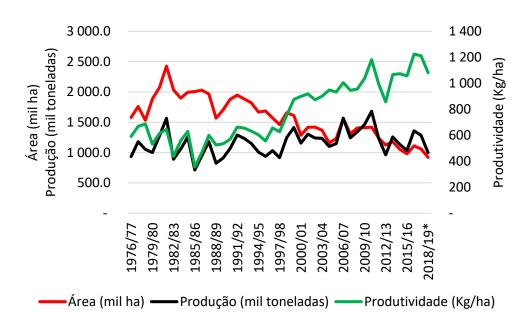


Série Histórica - Soja

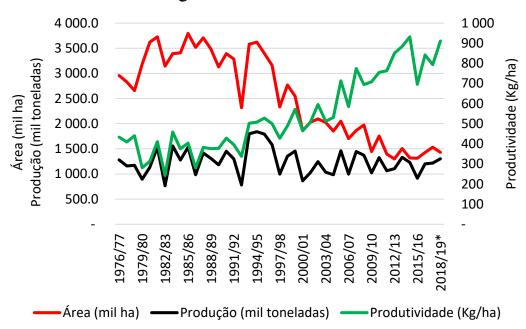


Série Histórica - Feijão

Feijão 1ª Safra (Águas)

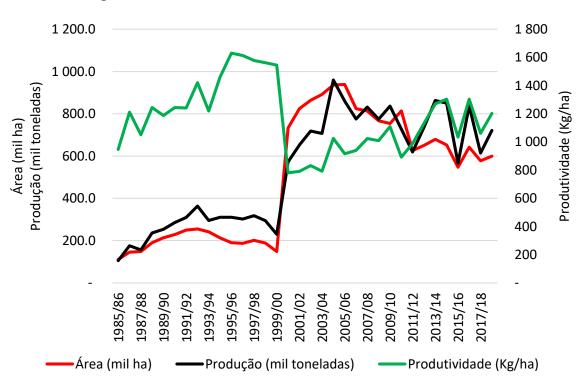


Feijão 2ª Safra (Seca)



Série Histórica - Feijão

Feijão 3ª Safra (outono-inverno)



Melhoramento de Plantas

Alteração da frequência alélica das plantas para benefício do homem (Bernardo, 2002).















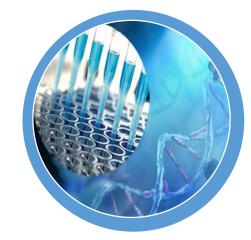


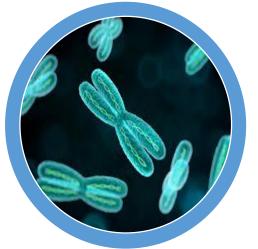
Melhoramento de Plantas

 Objetivo: Desenvolver cultivares superiores às disponíveis no mercado, quanto a:

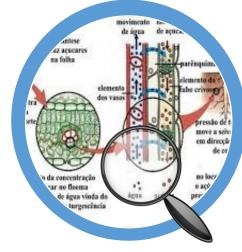
- Produtividade
- Qualidade comercial
- Qualidade tecnológica
- Resistência aos principais patógenos
- Tolerância a estresses abióticos





















Estratégias de Melhoramento

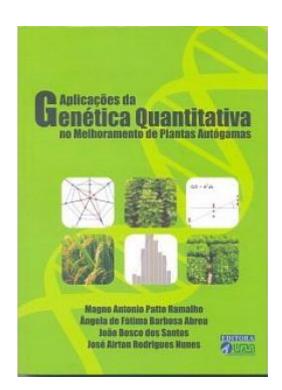
• Introdução de Plantas



Seleção de Linhas puras



- Hibridação
 - Métodos de condução de populações segregantes
 - Seleção Recorrente



Capítulos 8 e 9

Fases de um programa de Melhoramento do Feijoeiro

PRE - MELHORAMENTO (Banco de germoplasma)

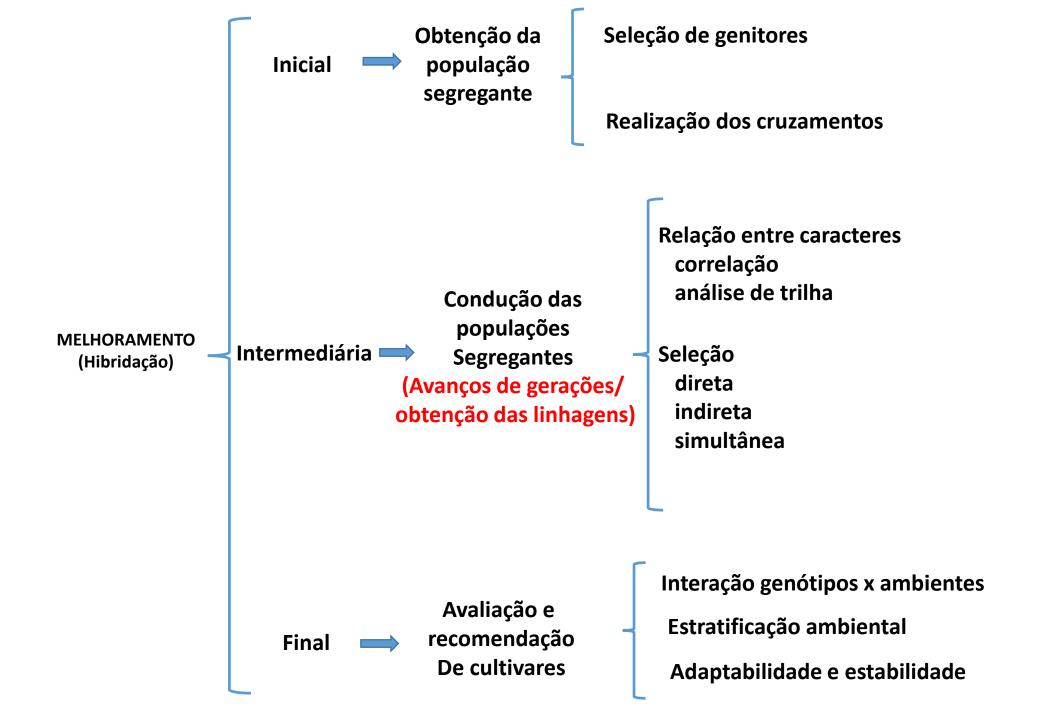
- Caracterização dos recursos genéticos
- Conservação dos recursos genéticos
- Exploração da variabilidade disponível

MELHORAMENTO (Hibridação)

Inicial – Obtenção de populações segregantes

Intermediária – Condução das populações segregantes

Final – Avaliação e recomendação de cultivares



Seleção de Genitores

Qual o objetivo?

- Obter uma população segregante com média favorável associada a variabilidade desejada para o caráter sob seleção
- Informações dos genitores:
 - Média
 - Coeficiente de parentesco
 - Origem
 - Divergência genética
- Informações do comportamento da descendência:
 - Dialelos
 - Estimativa m+a e d
 - Estimativa da probabilidade de obter linhagens que superem uma testemunha na F_{∞} (Jinck's e Pooni, 1976)

Obtenção da População Segregante

Que tipo de Cruzamentos Utilizar? (Carneiro, 2002) Biparentais X Duplos X Multiplos

Número de progênies entre as 50 mais produtivas nos diferentes tipos de híbridos. Dados de gerações $F_{2:4}$, $F_{2:5}$ e $F_{4:6}$ oriundas dos diferentes tipos de híbridos.

	Gerações		
Populações	F2:4	F2:5	F4:6
HS 1/3	2	1	8
HS 6/8	1	3	-
HS 2/4	4	-	6
HS 5/7	-	4	5
HS	7	8	19
HD 1/3//6/8	3	15	4
HD 2/4//5/7	16	6	14
HD	19	21	18
HM	24	21	13

Processos de condução de populações segregantes

- Categorias:
 - Fases de endogamia e seleção conjuntamente

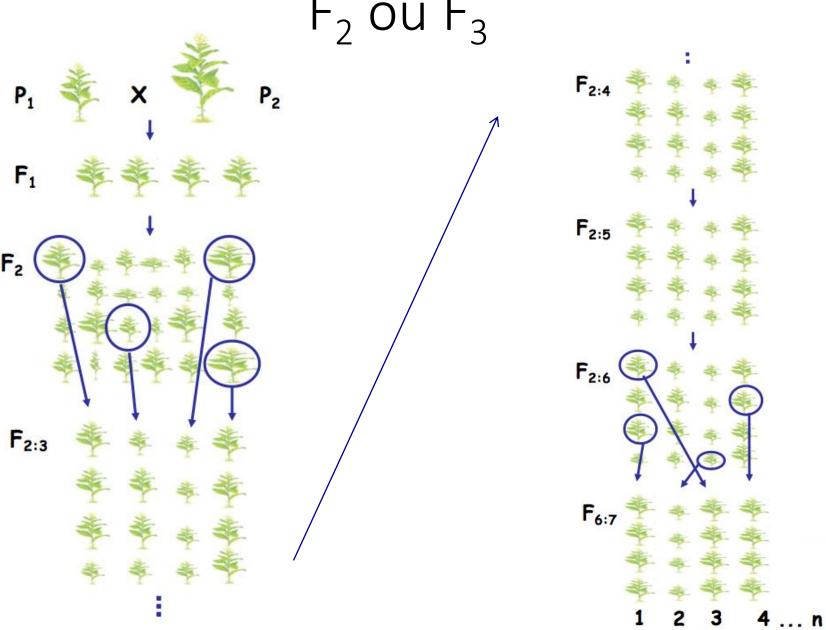
 - Método massal
 Método Genealógico

 Avaliação visual

- Fases de endogamia e seleção separadas
 - Método do bulk
 - Método SSD e SPD
 - Método do bulk dentro de progênie_

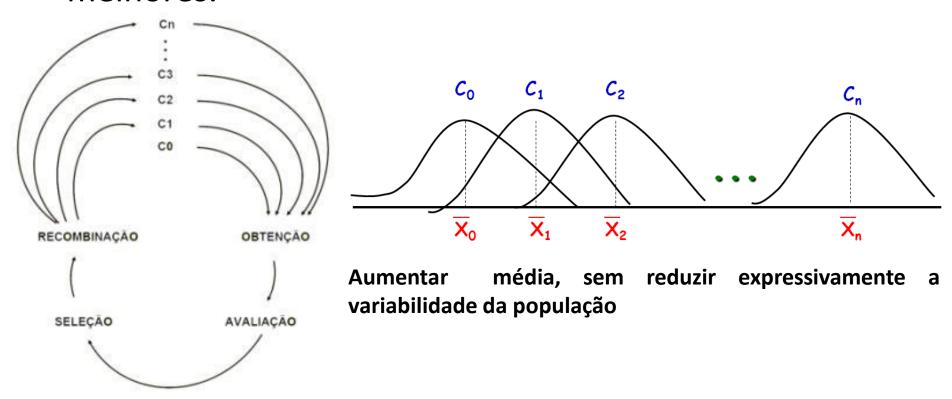
Avaliação com base em progênies

Método Bulk dentro de progênies F₂ ou F₃



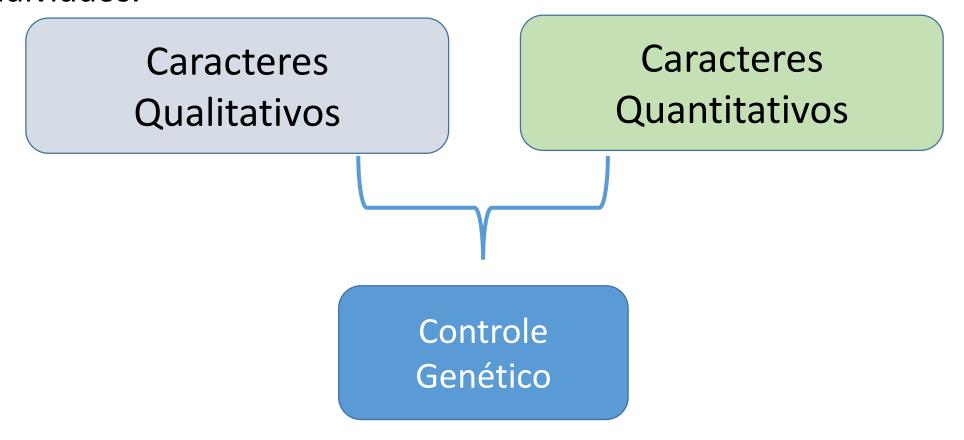
Seleção Recorrente

Processo cíclico de melhoramento que envolve a obtenção da população base, avaliação e seleção de indivíduos ou progênies e recombinação dos melhores.



Natureza dos Caracteres

Característica, caráter, caractere ou variável: atributos utilizados para definir ou identificar um indivíduo ou um conjunto de indivíduos.



Conceitos Importantes

• **FENÓTIPO:** Diferentes manifestações de um dado caráter

Caráter	Fenótipos
Reação a patógenos (Colletotrichum lindemuthianum)	Resistente e Suscetível
Cor da flor	Branca, Rosa e Roxa
Porte do feijoeiro	Ereto, semi-ereto, semi-prostrado e prostrado
Produtividade de grãos	1500 kg/ha,, 3000 kg/ha

Caracteres Qualitativos

Controlado por um ou poucos genes

Pouco ou nenhum efeito ambiental



- Cor do hipocótilo
- Hábito de crescimento
- Cor da flor

Classes fenotípicas distinguíveis (distribuição discreta)







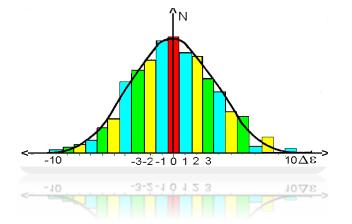
VV

Caracteres Quantitativos

Controlado por muitos genes Efeito pronunciado do ambiente



Classes fenotípicas são de difícil distinção (distribuição contínua)



Exemplo

Contribuição de cada alelo efetivo e número de fenótipos existentes na geração F₂, com diferentes números de genes controlando o caráter peso de sementes do feijão

Número de	Número de	Número de	Contribuição de cada alelo
genes	alelos totais	fenótipos	efetivo* (mg)
1	2	3	133,00
2	4	5	66,50
3	6	7	44,30
4	8	9	33,25
5	10	11	26,60
10	20	21	13,60
100	200	201	1,33
:	:	:	•
n	m = 2n	2n + 1	266/m

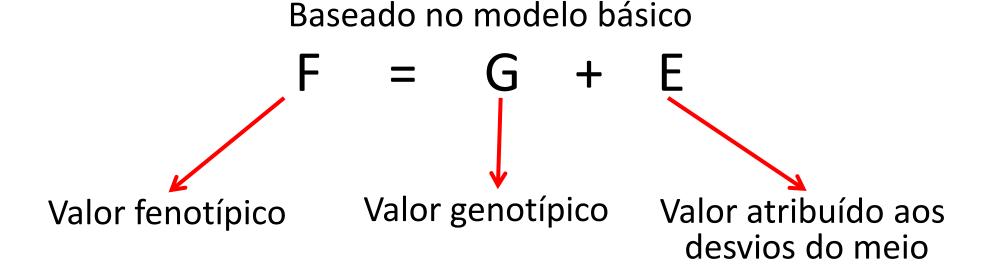
^{*} Considerando hipoteticamente ausência do efeito ambiental e a diferença entre os genitores de 266 mg.

Fonte: Ramalho et al., 2012

Genética Quantitativa

Estudo da herança e variação dos caracteres quantitativos

• Como é feito o estudo de herança de características quantitativas?



Exemplo

Indivíduos	População 1	População 2
	G + M = F	G + M = F
1	74 - 2 = 72	80 + 7 = 87
2	70 – 7 = 63	87 – 4 = 83
3	72 + 2 = 74	84 + 1 = 85
4	71 + 5 = 76	30 – 4 = 26
5	70 + 7 = 77	10 + 1 = 15
6	73 – 1 = 72	25 - 5 = 20
7	74 – 4 = 70	40 + 4 = 44

Parâmetros	População 1	População 2
Média (F)	72	51,4
Variância (F)	21,7	1067,6
Média (G)	72	50,9
Variância (G)	3	1024,1
Média (M)	0	0
Variância (M)	24,7	20,7

Parâmetros Genéticos

- Propriedades genéticas de uma população
 - Média
 - Variância
 - Covariância

• Utilidade:

- Avaliar o potencial de populações segregantes
- Realizar seleção e predição do ganho
- Estabelecer estratégias eficazes de seleção

Componentes de variância

- Modelo: F = G + M
- V(F) = V(G) + V(M) + 2Cov(G,M)

Componentes da Variância Genotípica

- V(G) = V(A) + V(D) + V(I)
- V(A): Variância aditiva Fração herdável
- V(D): Variância de dominância
- V(I): Variância epistática V(I) = V(AA) + V(AD) + V(DD)

Variância genética aditiva

- Variância dos valores genéticos aditivos
- Mede a variação devido ao efeito médio dos alelos que é transmitido de uma geração para outra

IMPORTÂNCIA

 Predizer as alterações na média da população devido a seleção

Variância genética de dominância

Variância dos valores genéticos de dominância

IMPORTÂNCIA

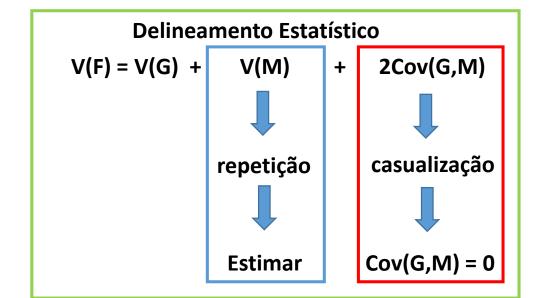
- Predição do êxito na confecção de híbridos heteróticos
 - Produção de híbridos na cultura do feijão?
 - Cleistogamia, textura do pólen, taxa de pegamento dos cruzamentos e número de sementes geradas por cruzamento.
- Fator pertubador na identificação de genótipos superiores em populações segregantes

Estimação dos componentes de variância

Delineamento Estatístico

Estudo de herança

Delineamento Genético



repetição
casualização
controle local

Dialelo

Pais e F₁

Ensaios com Famílias

irmãos completos meio irmãos famílias endogâmicas

Análise de Gerações

Delineamento I e II de Comstock e Robinson

Herdabilidade

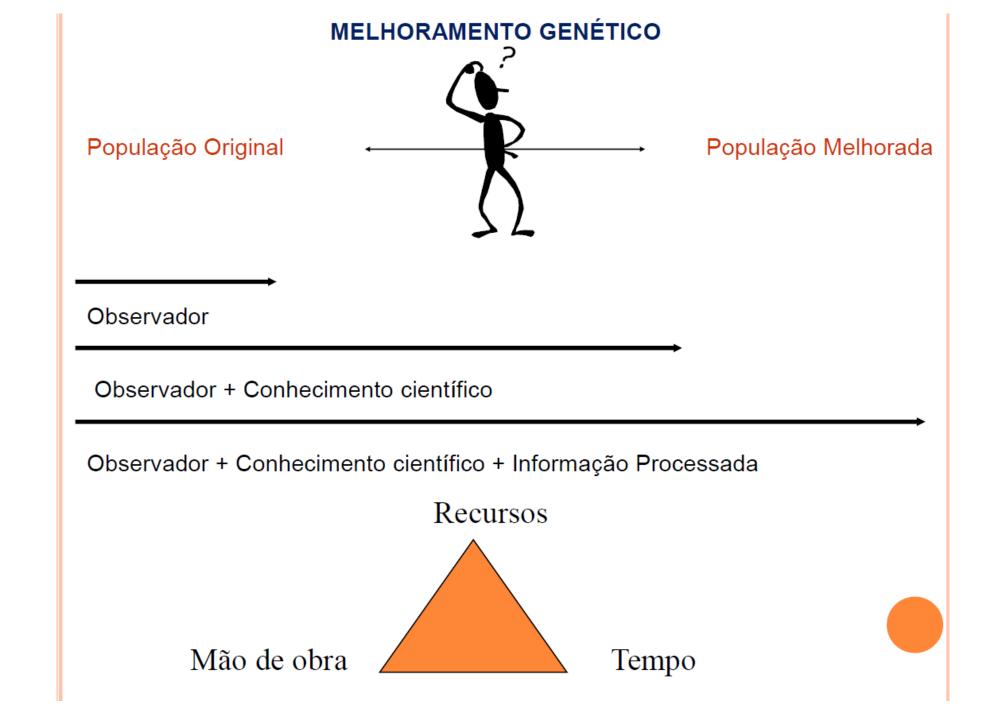
- Proporção da variabilidade existente em uma população segregante que é de natureza genética.
 - Herdabilidade no sentido amplo $(h_a^2) = V_G/V_F$
 - Herdabilidade no sentido restrito $(h_r^2) = V_A/V_F$
- Estima a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genético (*breeding value*)



Predição do Ganho

• Possibilita avaliar a estratégia adotada e procurar alternativas para melhorar a eficiência do processo.

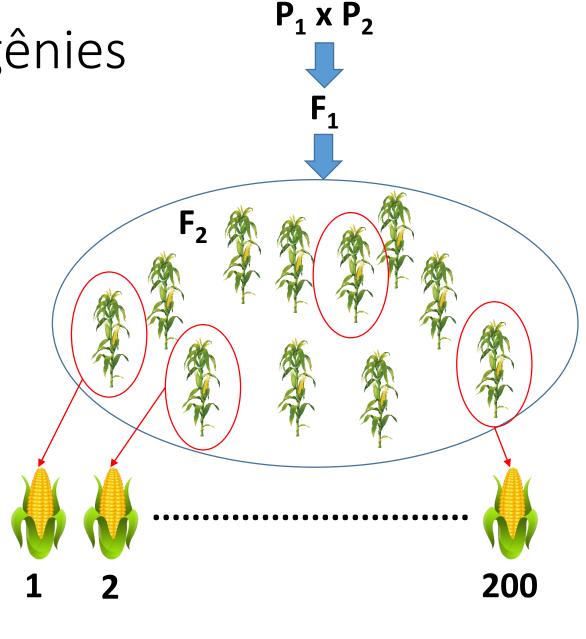
- Predição de Ganho
 - Sem recombinação Métodos de condução de população segregante
 - Com recombinação Seleção recorrente
 GS = h²DS



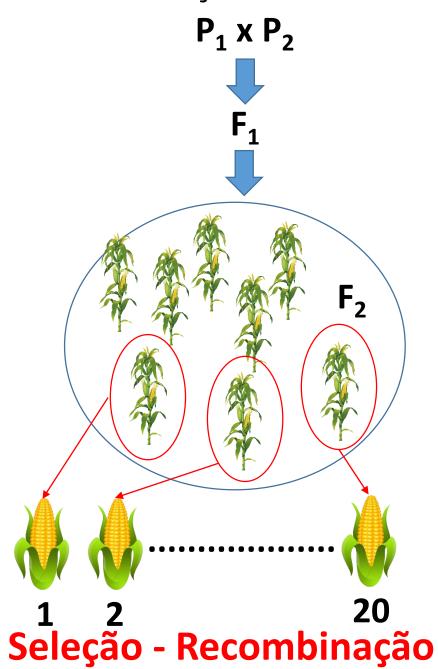
Exemplo: Ensaios com Progênies (famílias)

- Importância:
 - Estimar componentes de variância
 - Predição do ganho com a seleção

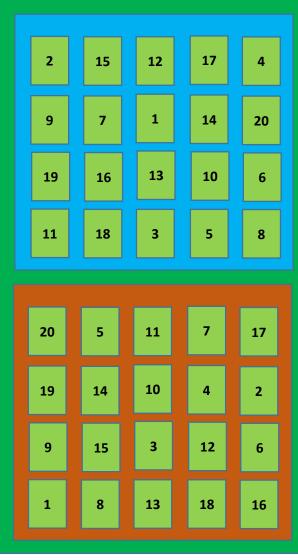
- Progênies famílias
 - Meios irmãos $COV(MI) = \frac{1}{4}\sigma_a^2$
 - Irmãos completos $COV(MI) = \frac{1}{2}\sigma_a^2 + \frac{1}{4}\sigma_d^2$
 - Endogâmicas $COV(End) = 2\sigma_a^2$



Avaliação de 20 FMI



Bloco₁

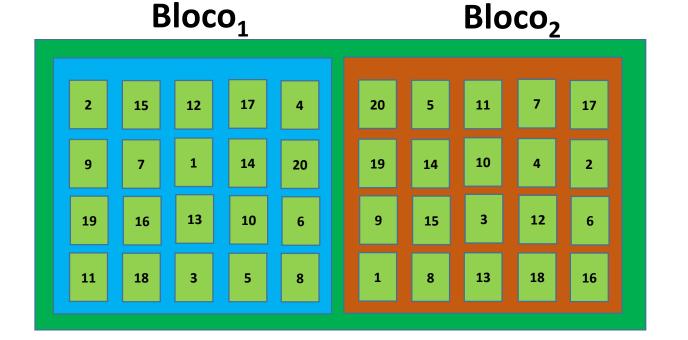


Bloco₂

Cultivares	Repetição		Média	
Cultivales	1	2	ivieuia	
1	54.53	55.83	55.18	
2	48.98	50.16	49.57	
3	52.47	47.59	50.03	
4	45.18	46.4	45.79	
5	47.65	55.91	51.78	
6	51.08	59.3	55.19	
7	56.75	63.68	60.215	
8	50.89	52.6	51.745	
9	58.44	56.85	57.645	
10	46.53	47.14	46.835	
11	46.27	49.79	48.03	
12	49.5	44.69	47.095	
13	78.81	94	86.405	
14	55.97	55.71	55.84	
15	45.83	52.03	48.93	
16	52.79	53.43	53.11	
17	45.49	54.71	50.1	
18	52.85	51.68	52.265	
19	53.46	58.97	56.215	
20	81.82	88.07	84.945	
Média	53.7645	56.927	55.34575	

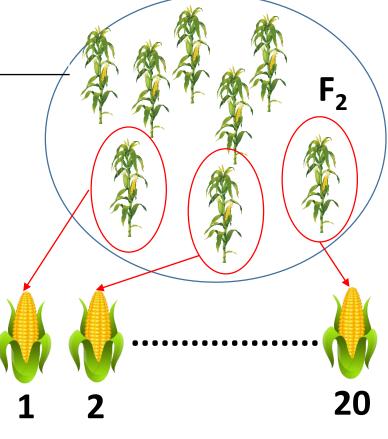
Fontes de Variação (FV)	Graus de liberdade (GL)	Somas de Quadrados (SQ)	Quadrados Médios (QM)	Esperanças dos quadrados médios E(QM)	F	p-valor
Blocos	1	100,0062	100,0062	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	$\frac{QMbloco}{QMres} = \frac{\sigma^2 + g\sigma_b^2}{\sigma^2} = \frac{100,0062}{12,6058} = 7,94 *$	0,011
Genótipos Progênies)	19	4653,273	244,9091	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$	$\frac{QMgen}{QMres} = \frac{\sigma^2 + r\sigma_g^2}{\sigma^2} = \frac{244,9091}{12,6058} = 19,43 **$	<0,01
Resíduo	19	239,5102	12,6058	σ^2		

 $H_0: \sigma_g^2 = 0$, $n\~ao$ existe variabilidade genética entre as médias das progênies $H_a: \sigma_g^2 \neq 0$, existe variabilidade genética entre as médias das progênies



Total

39



 $P_1 \times P_2$

Seleção - Recombinação

Fontes de Variação	Graus de liberdade	Somas de Quadrados	Quadrados Médios (QM)	Esperanças dos quadrados médios E(QM)	F	p-valor
(FV)	(GL)	(SQ)	(QIVI)	E(QIVI)		
Blocos	1	100,0062	100,0062	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	$\frac{QMbloco}{QMres} = \frac{\sigma^2 + g\sigma_b^2}{\sigma^2} = \frac{100,0062}{12,6058} = 7,94 *$	0,011
Genótipos (Progênies)	19	4653,273	244,9091	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$	$\frac{QMgen}{QMres} = \frac{\sigma^2 + r\sigma_g^2}{\sigma^2} = \frac{244,9091}{12,6058} = 19,43 **$	<0,01
Resíduo	19	239,5102	12,6058	σ^2		
Total	39					

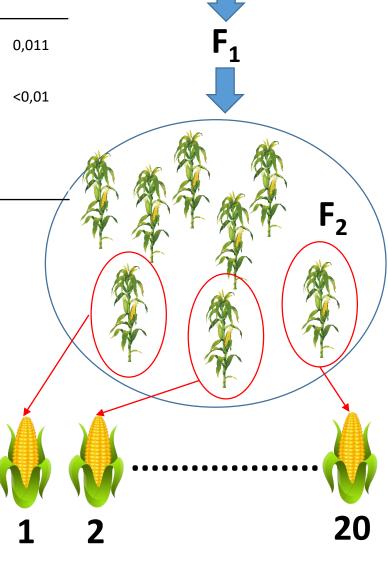
 $H_0:\sigma_g^2=0$, $extbf{n} ilde{a} extbf{o}$ existe variabilidade genética entre as médias das progênies $H_0:\sigma_g^2\neq 0$, existe variabilidade genética entre as médias das progênies

$$\sigma^2 + r\sigma_g^2 = QM_{FMI}$$

$$\sigma_g^2(FMI) = \frac{QM_{FMI} - \sigma^2}{r} = \frac{244,9091 - 12,6058}{2} = 116,1516$$

$$\sigma_g^2(FMI) = \frac{1}{4}\sigma_a^2(População)$$

$$\sigma_a^2(População) = 4 * \sigma_g^2(FMI) = 4 * 116,1516 = 464,6064$$



 $P_1 \times P_2$

Seleção - Recombinação

 $H_a: \sigma_g^2 \neq 0$, existe variabilidade genética entre as progênies

$$\sigma_g^2(FMI) = \frac{QM_{FMI} - \sigma^2}{r} = \frac{244,9091 - 12,6058}{2} = 116,1516$$

- Se selecionar 30% das melhores progênies para recombinar e gerar uma população melhorada:
 - 30% das progênies = 6 progênies
 - Diferencial de seleção: $DS = \bar{X}_{selecionados} \bar{X}_{população} = 66,88 55,35 = 11,53$
 - Variância fenotípica: $\sigma_f^2 = \frac{QM_{FMI}}{r} = \frac{244,9091}{2} = 122,4546$
 - Herdabilidade: $h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} = \frac{116,1516}{122,4546} = 0,9485$
 - Ganho de seleção: $GS = h^2 * DS = 0,9485 * 11,53 = 10,94$
 - $GS(\%) = 100 * \frac{GS}{\bar{X}} = 100 * \frac{10,94}{55,35} = 19,77\%$
 - Média da população melhorada:
 - $\bar{X}_{melhorada} = \bar{X}_{original} + GS = 55,35 + 10,94 = 66,29$

Progênies	Média
13	86.405
20	84.945
7	60.215
9	57.645
19	56.215
14	55.84
6	55.19
1	55.18
16	53.11
18	52.265
5	51.78
8	51.745
17	50.1
3	50.03
2	49.57
15	48.93
11	48.03
12	47.095
10	46.835
4	45.79

Progênies	Média
13	86.405
20	84.945
7	60.215
9	57.645
19	56.215
14	55.84
6	55.19
1	55.18
16	53.11
18	52.265
5	51.78
8	51.745
17	50.1
3	50.03
2	49.57
15	48.93
11	48.03
12	47.095
10	46.835
4	45.79

Progênies	Médias
20	92.865
13	91.145
18	75.56
11	74.885
12	66.825
3	65.965
7	65.41
17	62.65
6	62.07
8	61.895
19	61.57
1	59.865
4	59.69
5	59.525
9	58.57
15	57.545
2	56.32
10	55.12
16	54.875
14	46.925

Progênies	Médias
13	110.45
20	105.03
14	78.885
19	78.54
3	74.7
2	74.425
17	73.535
4	72.705
5	70.75
16	68.965
6	67.495
15	67.4
9	67.055
7	64.07
10	61.355
1	60.78
11	59.52
12	55.875
8	50.09
18	46.14

Progênies	Média Geral
13	96.00
20	94.28
19	65.44
3	63.57
7	63.23
17	62.10
6	61.59
9	61.09
11	60.81
5	60.69
14	60.55
2	60.11
4	59.40
16	58.98
1	58.61
18	57.99
15	57.96
12	56.60
8	54.58
10	54.44

Interação Genótipos por Ambientes

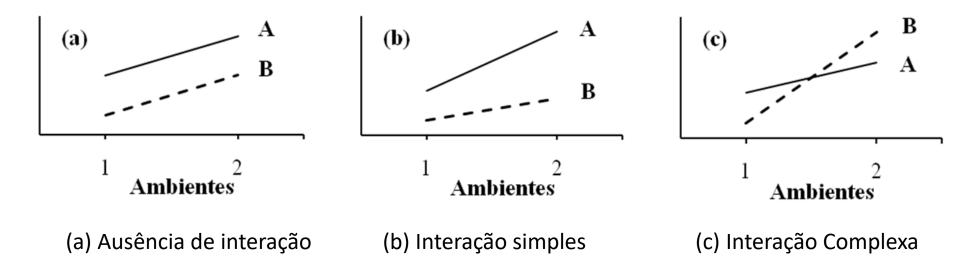
 Avaliação de progênies, linhagens, híbridos ou clones em dois ou mais experimentos

Modelo
$$F = G + E + GxE$$

A interação GxE é decorrente da variação do desempenho particular de cada genótipo nos vários ambientes

Influência das safras no desempenho dos genótipos do feijoeiro (Oliveira, 2006)

Natureza da Interação GxE



- CAUSAS DA INTERAÇÃO GXE?
 - ✓ Expressão diferencial dos genes
- EFEITOS DA INTERAÇÃO GXE?
 - ✓ Seleção de populações, progênies e linhagens.
 - ✓ Recomendação de cultivares

SOLUÇÃO: Avaliação em maior número de ambientes em maior número de ambientes possível

Estudos de interação GxE

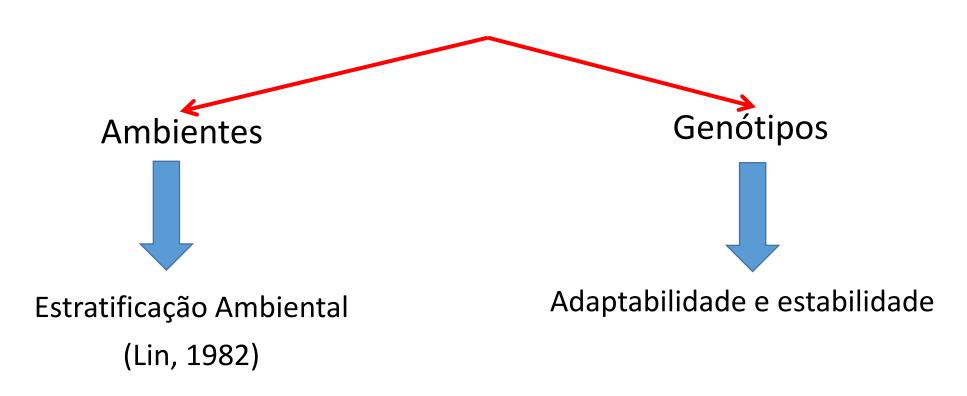
- Quantificação > Análise conjunta de variância
- Natureza da interação GxE
- Progênies: Ganho com a seleção

Recomendação de Cultivares

- Avaliação das linhagens, híbridos, clones em maior número de ambientes
 - Ensaios Preliminares
 - Ensaios de Valor de Cultivo e Uso

Recomendação de Cultivares

Qual forma de minimizar a influência da interação GxE

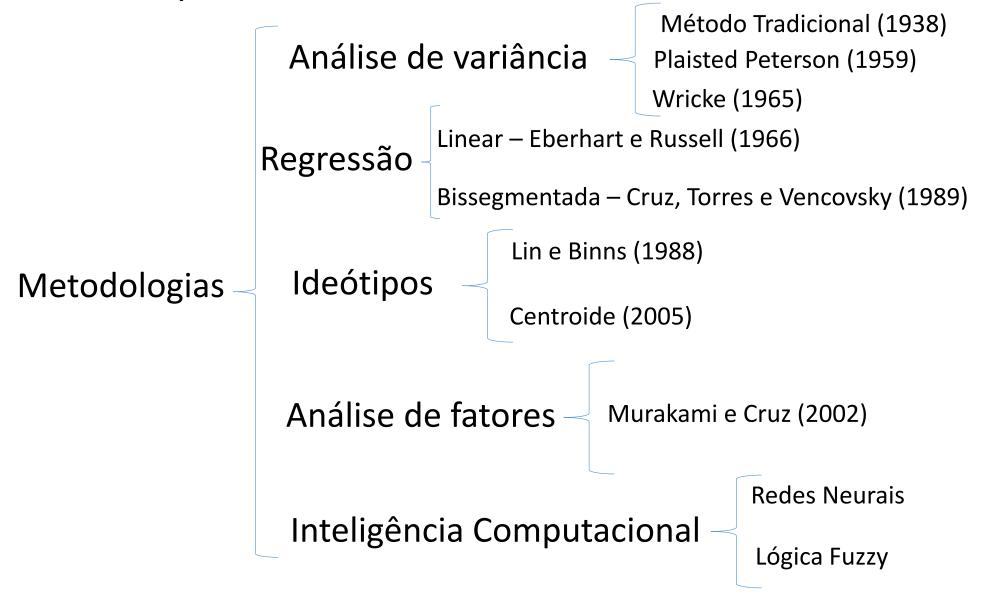


Adaptabilidade e Estabilidade

 Adaptabilidade: Capacidade do genótipo responder as variações ambientais

• Estabilidade: Previsibilidade do comportamento.

Adaptabilidade e Estabilidade



Desafios do Melhoramento de Plantas

- Efeito Ambiental
- Desvio de dominância
 - Epistasia
- Interação genótipos por ambientes

Alternativas para o sucesso de um programa de melhoramento



Genética Quantitativa

Melhoramento



Experimentação

Redes Neurais

Biometria

Genômica: SAM e GWS

Duvidas??

Referências Bibliográficas

- CRUZ, C.D.. Princípios de genética quantitativa. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B; NUNES, J.A.R.. Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522 p.