LGN 5810 - Genética Quantitativa

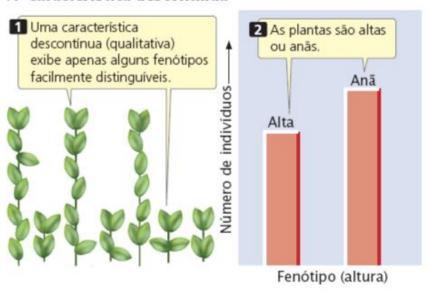




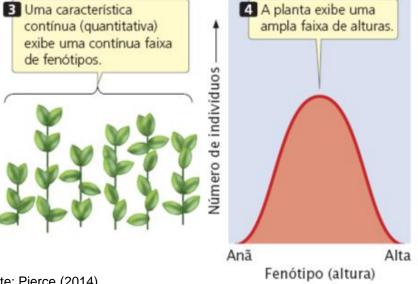
Introdução

- A genética de caracteres mensuráveis envolve o estudo de sua variação:
 - Particionamento em componentes atribuídos às diferentes causas de variação em uma população
 - Quando os valores são expressos como desvios da média populacional, a quantidade de variação é expressa pela variância (média dos valores quadrados)
 - Indica o grau de relação entre indivíduos aparentados
 - Componentes de variância e herdabilidade somente se aplicam à população que lhes deu origem, sob as condições de ambiente que foram estudadas, não podendo ser extrapoladas

A Característica descontínua



Característica contínua

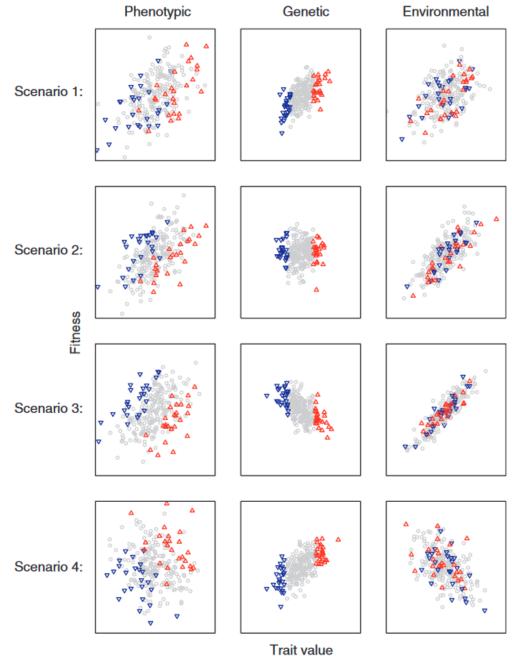


Fonte: Pierce (2014)

Introdução

- A estimativa da herdabilidade e de componentes de variância fornece informações sobre a variabilidade genética de um germoplasma e permite a seleção de indivíduos superiores na população segregante
- A variância fenotípica (σ_P^2) total é a soma dos componentes separados (genotípico σ_G^2 e ambiental σ_E^2):

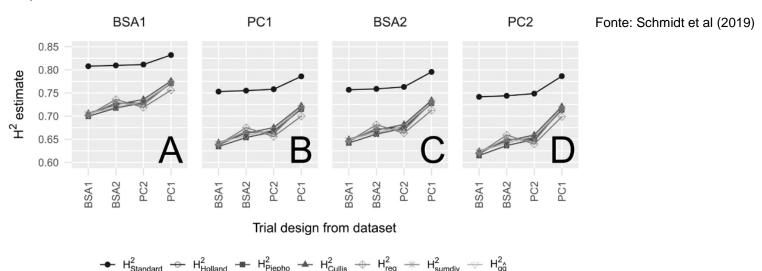
 - A variância genética (σ_G^2) pode ainda ser subdividida em diferentes efeitos genéticos:
 - Variância aditiva (σ_A^2): Valor genético
 - Variância de dominância (σ_D^2) : Desvio de dominância
 - Variância de interação (σ_I^2): Desvio da interação



Fonte: Morrissey et al. (2010)

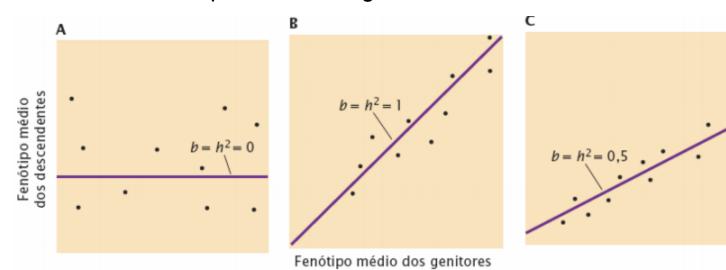
Herdabilidade

- A hereditariedade refere-se aos valores genotípicos:
 - Representado pela razão $\frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2}$
 - Representa o quanto do fenótipo é determinado pelo genótipo
 - Denominada herdabilidade no sentido amplo (H²)
 - 0 indica que nenhuma variância fenotípica resulta das diferenças no genótipo, mas exclusivamente das diferenças ambientais
 - 1 indica que toda variância fenotípica é resultado de diferenças genotípicas (efeito ambiental é nulo).



Herdabilidade

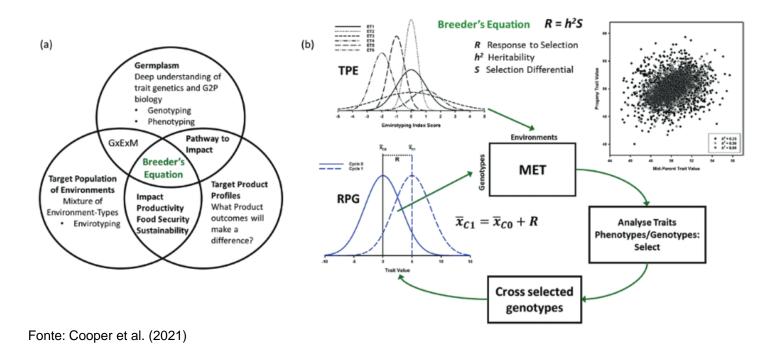
- A herdabilidade refere-se ao valor genético:
 - Representado pela razão $\frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2}$
 - Representa o quanto do fenótipo é determinado pelos alelos transmitidos pelos pais
 - Denominada herdabilidade no sentido estrito (h²)
 - Expressa o grau de semelhança entre os indivíduos aparentados
 - Representa o coeficiente de regressão (h² = b) da regressão entre o fenótipo médio dos descendentes contra o fenótipo médio dos genitores



Fonte: Pierce (2014)

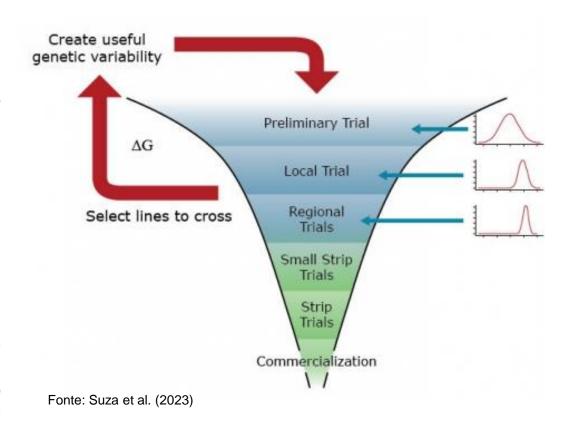
Equação do melhorista

- A herdabilidade no sentido estrito (h²) permite prever a eficiência da seleção artificial na média populacional:
 - Indivíduos selecionados apresentam um fenótipo diferente da média populacional, representando o diferencial de seleção (S)
 - A alteração no fenótipo entre os indivíduos selecionados e a média populacional é a resposta à seleção, representando a equação do melhorista



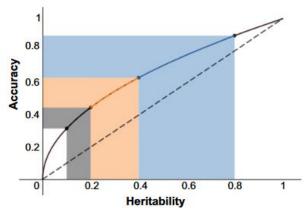
Equação do melhorista

- Na seleção artificial, o valor é definido pelo valor fenotípico selecionado:
 - Pouca influência do diferencial de seleção (S)
- O melhoramento envolve a segregação transgressiva:
 - Delineamento de cruzamentos com valores de traços (fenótipos) além dos limites dos genitores
- A equação do melhorista é estendida:
 - $R = \frac{\sigma_G \times i \times r}{L}$
 - R: Mudança média no traço por unidade de tempo
 - σ_G : Variação genética dentro da população
 - i: Intensidade de seleção
 - r. Precisão de seleção
 - L: Intervalo entre ciclos sucessivos de seleção
 - Raiz quadrada da herdabilidade se a seleção ocorre em um fenótipo individual
 - Correlação entre a média da progênie e o modelo pelo qual a seleção foi baseada, incluindo informação de outros individuos e outros fenótipos

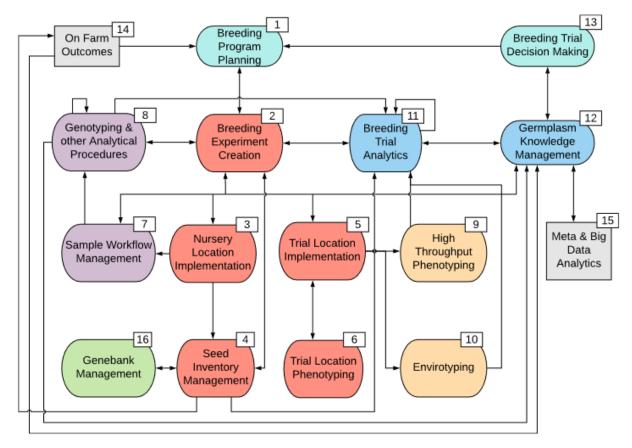


Equação do melhorista

- A equação do melhorista mostra quatro formas de melhoria:
 - Aumentar a precisão de seleção
 - Aumentar a herdabilidade para seleção direta
 - Principal variável na equação do melhorista
 - Aumentar a variabilidade genética
 - Aumentar a intensidade de seleção
 - Reduzir o tempo de cada ciclo



Fonte: Cobb et al. (2019)

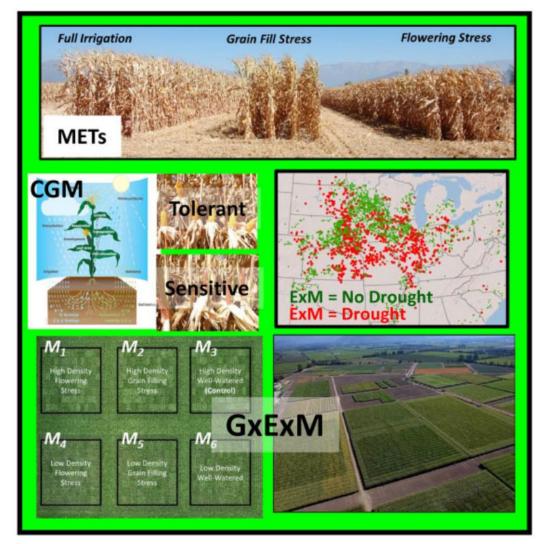


Fonte: Cobb et al. (2019)

- No melhoramento de plantas é possível controlar os genótipos replicados em qualquer escala, testados em vários ambientes para vários traços por vários anos:
 - Linhagens endogâmicas, híbridos e clones
 - A herdabilidade de um genótipo replicado em um único experimento em um bloco completo é:

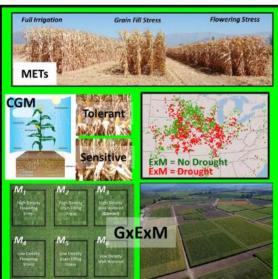
$$H^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \sigma_E^2/n'}$$

- σ_G^2 : Variância genética
- σ_E^2 : Variância do erro residual
- n: Número de réplicas
- Representa a correlação quadrada entre os valores de fenótipo observado e o não observado.

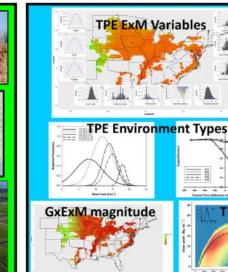


Fonte: Cooper et al. (2023)

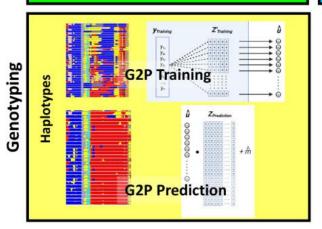
- Quando testes são conduzidos entre vários ambientes e anos diferentes, a variância fenotípica também envolve variâncias da interação genótipoambiente:
 - O fenótipo representa a média entre ambientes
 - $\sigma_P^2 = \sigma_G^2 + \frac{\sigma_{Gy}^2}{y} + \frac{\sigma_{Gl}^2}{l} + \frac{\sigma_{Gyl}^2}{yl} + \frac{\sigma_E^2}{yln'}$, para o qual gy, gl e gyl indicam interações genótipo-ano, genótipo-local e genótipo-ano-local respectivamente
 - O melhoramento envolve a escolha do desenho experimental:
 - Número de réplicas (n) por amostra
 - Número de anos (y)
 - Número de locais (/)

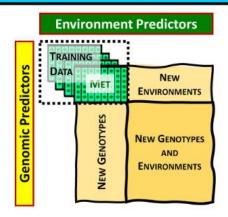


Phenotyping



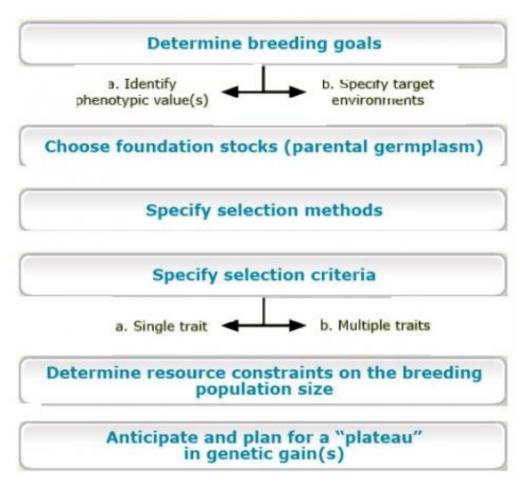
Envirotyping





Fonte: Cooper et al. (2023)

- As equações do melhorista e de herdabilidade são baseadas em suposições:
 - O desenho experimental possui o mesmo número de réplicas para cada genótipo
 - O desenho experimental é inteiramente casualizado ou inteiramente casualizado em blocos
 - O valor genotípico é idêntico e com distribuição normal independentes
 - Não inclui informações de pedigree ou parentesco
 - Apenas um único traço é considerado
 - Todos os experimentos apresentam a mesma variância de erro
- Geralmente, pelo menos uma destas suposições é violada, assim, a definição de herdabilidade precisa ser modificada:
 - Historicamente, o melhoramento é baseado na redução do erro ambiental em experimentos de larga escala
 - As análises dependiam de pouca assistência computacional, porém, com o avanço tecnológico, a análise pode ser melhorada, e delineamentos mais complexos introduzidos



Fonte: Suza et al. (2023)

Referências

- Cobb JN, Juma RU, Biswas PS, Arbelaez JD, Rutkoski J, Atlin G, Hagen T, Quinn M, Ng EH. 2019. Enhancing the rate of genetic gain in public-sector plant breeding programs: lessons from the breeder's equation. Theor Appl Genet. 132(3):627–645.
- Cooper M, Powell O, Voss-Fels KP, Messina CD, Gho C, Podlich DW, Technow F, Chapman SC, Beveridge CA, Ortiz-Barrientos D, et al. 2021. Modelling selection response in plant-breeding programs using crop models as mechanistic gene-to-phenotype (CGM-G2P) multi-trait link functions. in silico Plants. 3(1):diaa016.
- Cooper M, Messina CD. 2023. Breeding crops for drought-affected environments and improved climate resilience. The Plant Cell. 35(1):162–186.
- Garcia, A. A. F. (2024). Quantitative Genetics. Department of Genetics, ESALQ/USP. Retrieved from https://statgen.esalq.usp.br/quantgenetics/index/.
- Lynch M, Walsh B. 1998. Genetics and analysis of quantitative traits. Sinauer Sunderland, MA.
- Mackay I, Piepho H, Garcia AAF. 2019. Statistical Methods for Plant Breeding. In: Balding D, Moltke I, Marioni J, editors. Handbook of Statistical Genomics. 1st ed. Wiley. p. 501–20. https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/9781119487845.ch17.
- Morrissey MB, Kruuk LEB, Wilson AJ. 2010. The danger of applying the breeder's equation in observational studies of natural populations. Journal of Evolutionary Biology. 23(11):2277–2288.
- Pierce BA. 2014. Genetics: a conceptual approach. 5. ed. New York, NY: W.H. Freeman, a Macmillan Higher Education company
- Schmidt P, Hartung J, Rath J, Piepho H-P. 2019. Estimating Broad-Sense Heritability with Unbalanced Data from Agricultural Cultivar Trials. Crop Science. 59(2):525–536.
- Suza (Editor) W, Lamkey (Editor) K, Beavis W, Espinosa K, Newell M, Mahama AA. 2023. Quantitative Genetics for Plant Breeding. Iowa State University Digital Press. [accessed 2024 Sep 12]. https://iastate.pressbooks.pub/quantitativegenetics/.

Obrigado!

carvalhopc@usp.br linktr.ee/carvalhopc