

FORMULÁRIO - GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS

GENÉTICA DE POPULAÇÕES	
Em regime de autofecundação cruzando duas plantas homozigóticas	Tende-se para a homozigocidade com o avanço das gerações, segundo a expressão: $\% \text{ homozigóticos} = \left(1 - \frac{1}{2^{g-1}}\right) \times 100$ em que g representa a ordem da geração.
Mutação recorrente unidirecional (mutação $A_1 \rightarrow A_2$ à taxa u ,	Frequência de A_2 na geração n: $q_n = 1 - (1 - u)^n(1 - q_0)$ sendo p_0 e q_0 a frequência inicial de A_1 e A_2, respetivamente.
Mutação recorrente reversível (mutação $A_1 \rightarrow A_2$ à taxa u e $A_2 \rightarrow A_1$ à taxa v)	A frequência de equilíbrio de A_2 (q_e) atinge-se quando $q_e = \frac{u}{v+u}$
Dominância completa de A_1 e seleção contra A_2	Se em cada geração todos os indivíduos A_2A_2 forem eliminados ($s = 1$), o número de gerações (t) requerido para mudar a frequência do alelo de q_0 para q_t é $t = \frac{1}{q_t} - \frac{1}{q_0}$
Distribuição Binomial	Função de probabilidade: $P(X = x) = \binom{m}{x} p^x q^{m-x},$ m é o número de provas de Bernoulli, p é a probabilidade de sucesso, q é a probabilidade de insucesso).
Teste ao equilíbrio de Hardy-Weinberg (H-W) (para um único locus com 2 alelos)	Estatística do teste: $X^2 = \sum_{i=1}^a \frac{(O_i - \hat{E}_i)^2}{\hat{E}_i} \sim \chi^2_{1}$, sob H_0 a – nº de classes de resultados possíveis. $\chi^2_{0.05(1)} = 3.84$
Índice de fixação (F)	$F = \frac{H_e - H_o}{H_e}$, H_e é a frequência esperada de heterozigóticos obtida segundo a lei de H-W; H_o é a frequência observada de heterozigóticos na população.
Coeficiente de endogamia (f_x) de um indivíduo, a partir do seu <i>pedigree</i>	$f_x = \left(\frac{1}{2}\right)^i (1 + f_A)$, em que A é o ascendente comum, f_A é o coeficiente de endogamia de A e i é o número de indivíduos ao longo dos quais os alelos são transmitidos.

FORMULÁRIO - GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS

GENÉTICA QUANTITATIVA																
Para o modelo clássico a 1 factor de efeitos aleatórios: O melhor preditor empírico linear não enviesado (EBLUP) do efeito genotípico i (g_i) com r repetições O estimador da variância do erro de predição (PEV) do efeito genotípico para o genótipo i Precisão relativa associada ao EBLUP do efeito genotípico do genótipo i (REL_i) Tabela de análise de variância do modelo a 1 factor de efeitos aleatórios, equilibrado (com a genótipos, r repetições por genótipo)	$EBLUP(g_i) = \frac{r\hat{\sigma}_g^2}{r\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2} (média\ genótipo\ i - média\ geral)$ $PEV_i = \frac{\hat{\sigma}_e^2 \hat{\sigma}_g^2}{r\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2}$ $REL_i = \frac{r\hat{\sigma}_g^2}{r\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2}$ <table><tr><th>Fonte de variação</th><th>G.L.</th><th>S.Q.</th><th>QM</th><th>E[QM]</th></tr><tr><td>Genótipos (entre genótipos)</td><td>$a - 1$</td><td>SQG</td><td>QMG</td><td>$r\sigma_g^2 + \sigma_e^2$</td></tr><tr><td>Resíduos (no mesmo genótipo)</td><td>$a(r - 1)$</td><td>$SQRE$</td><td>$QMRE$</td><td>σ_e^2</td></tr></table>	Fonte de variação	G.L.	S.Q.	QM	E[QM]	Genótipos (entre genótipos)	$a - 1$	SQG	QMG	$r\sigma_g^2 + \sigma_e^2$	Resíduos (no mesmo genótipo)	$a(r - 1)$	$SQRE$	$QMRE$	σ_e^2
Fonte de variação	G.L.	S.Q.	QM	E[QM]												
Genótipos (entre genótipos)	$a - 1$	SQG	QMG	$r\sigma_g^2 + \sigma_e^2$												
Resíduos (no mesmo genótipo)	$a(r - 1)$	$SQRE$	$QMRE$	σ_e^2												
Em modelos não equilibrados e com estruturas de covariâncias complexas: Uma medida aproximada da heritabilidade em sentido lato (ao nível da média dos genótipos) Precisão relativa associada ao EBLUP do efeito genotípico do genótipo i (REL_i)	$h_g^2 = 1 - \frac{\overline{PEV}}{\hat{\sigma}_g^2}$ em que $\overline{PEV}$ representa a média da variância dos erros de predição dos efeitos genotípicos $REL_i = 1 - \frac{PEV_i}{\hat{\sigma}_g^2}$															
Populações experimentais P₁, P₂, F₁, F₂ e <i>Backcross</i> (P₁ e P₂ linhas puras)	A soma de duas variâncias fenotípicas de dois cruzamentos retrógrados: $V_P(B1) + V_P(B2)=V_A+2V_D+ 2V_E$															
Análise de famílias de meios irmãos Heritabilidade ao nível da média das famílias, aplicada a todos os modelos Precisão relativa associada ao EBLUP da família i (REL_i), aplicada a todos os modelos Tabela de análise de variância do modelo a 1 factor de efeitos aleatórios, equilibrado (com a número de famílias, b número de meios irmãos por família (tamanho da família))	$h_{fam}^2 = 1 - \frac{\overline{PEV}}{\hat{\sigma}_{fam}^2}$ sendo $\overline{PEV}$ a média da variância dos erros de predição dos EBLUPS das famílias $REL_i = 1 - \frac{PEV_i}{(1 + F)\hat{\sigma}_{fam}^2}$ em que PEV é a estimativa da variância do erro de predição do efeito da família i, F é o coeficiente de endogamia dos indivíduos. <table><tr><th>Fonte de variação</th><th>G.L.</th><th>S.Q.</th><th>QM</th><th>E[QM]</th></tr><tr><td>Entre famílias</td><td>$a - 1$</td><td>$SQFam$</td><td>$QMFam$</td><td>$b\sigma_{fam}^2 + \sigma_e^2$</td></tr><tr><td>Resíduos (entre descendentes dentro da família)</td><td>$a(b - 1)$</td><td>$SQRE$</td><td>$QMRE$</td><td>σ_e^2</td></tr></table>	Fonte de variação	G.L.	S.Q.	QM	E[QM]	Entre famílias	$a - 1$	$SQFam$	$QMFam$	$b\sigma_{fam}^2 + \sigma_e^2$	Resíduos (entre descendentes dentro da família)	$a(b - 1)$	$SQRE$	$QMRE$	σ_e^2
Fonte de variação	G.L.	S.Q.	QM	E[QM]												
Entre famílias	$a - 1$	$SQFam$	$QMFam$	$b\sigma_{fam}^2 + \sigma_e^2$												
Resíduos (entre descendentes dentro da família)	$a(b - 1)$	$SQRE$	$QMRE$	σ_e^2												
Correlação fenotípica entre a característica x e y (r_p)	$r_p = \frac{COV_{PX,PY}}{\sigma_{PX}\sigma_{PY}},$ Pod e ser escrita em função das heritabilidades das características: $r_p = \sqrt{h_x^2}\sqrt{h_y^2}r_g + \left(\sqrt{1 - h_x^2}\right)\left(\sqrt{1 - h_y^2}\right)r_E$ sendo, r_g a correlação genética e r_E a correlação ambiental.															
Correlação genética entre a característica x e y (r_g)	$r_g = \frac{COV_{gX,gY}}{\sigma_{gX}\sigma_{gY}}$															
O teste de hipóteses à componente de variância genotípica (ou variância das famílias de meios-irmãos) baseia-se em testes de razão de verosimilhanças.	A estatística do teste de razão de verosimilhanças restritas é dada por $\Lambda = 2(l_{R_1} - l_{R_0})\sim\chi_1^2$, sob H_0 sendo l_{R_1} a log-verosimilhança restrita associada ao modelo completo e l_{R_0} a log-verosimilhança restrita associada ao modelo reduzido (sem efeitos genotípicos (ou sem efeitos das famílias)) $\chi_{0.05\ (1)}^2 = 3.84$															