

# **VITICULTURA**

## **Parte prática:**

### **Análise da diversidade, conservação e seleção de variedades antigas de videira**

**2022/2023**

## EXERCÍCIO 1

Relativamente à metodologia de seleção da videira em Portugal:

- Indique as fases em que se desenvolve;
- Descreva os objetivos de cada fase;
- Compare os diferentes tipos de material selecionado que se podem obter.

## EXERCÍCIO 2

No quadro figuram os rendimentos (kg/planta) obtidos em 1994 numa população experimental de clones (POP) da casta Touriga Nacional com 196 clones e 5 repetições de 5 plantas, bem como alguns indicadores estatísticos.

| ord | clone                  | rep1  | rep2  | rep3  | rep4  | rep5  | média | variância |
|-----|------------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----------|
| 1   | c4106                  | 1.975 | 1.969 | 1.819 | 2.967 | 3.392 | 2.424 | 0.502     |
| 2   | c3829                  | 2.225 | 1.558 | 2.294 | 1.894 | 2.792 | 2.153 | 0.214     |
| 3   | c5107                  | 1.569 | 2.058 | 2.869 | 2.269 | 1.944 | 2.142 | 0.230     |
| 4   | c4227                  | 1.231 | 2.119 | 3.558 | 1.342 | 2.419 | 2.134 | 0.888     |
| 5   | c0103                  | 1.508 | 2.192 | 2.792 | 2.408 | 1.592 | 2.098 | 0.298     |
| 6   | c2402                  | 1.708 | 1.794 | 2.258 | 1.719 | 2.925 | 2.081 | 0.274     |
| ... | ...                    | ...   | ...   | ...   | ...   | ...   | ...   | ...       |
| 101 | c5201                  | 0.558 | 1.369 | 0.992 | 1.292 | 1.438 | 1.130 | 0.131     |
| 102 | c3330                  | 0.831 | 0.925 | 1.558 | 1.269 | 1.058 | 1.128 | 0.085     |
| 103 | c5203                  | 0.808 | 0.858 | 1.644 | 0.469 | 1.858 | 1.127 | 0.352     |
| 104 | c3932                  | 0.588 | 0.794 | 1.492 | 1.388 | 1.369 | 1.126 | 0.165     |
| 105 | c2417                  | 1.138 | 0.558 | 1.319 | 1.158 | 1.419 | 1.118 | 0.112     |
| 106 | c5216                  | 0.625 | 0.525 | 1.819 | 1.494 | 1.125 | 1.118 | 0.307     |
| ... | ...                    | ...   | ...   | ...   | ...   | ...   | ...   | ...       |
| 192 | c4707                  | 0.094 | 0.569 | 0.394 | 0.325 | 0.644 | 0.405 | 0.047     |
| 193 | c5106                  | 0.319 | 0.392 | 0.369 | 0.238 | 0.444 | 0.352 | 0.006     |
| 194 | c5217                  | 0.144 | 0.158 | 0.544 | 0.319 | 0.519 | 0.337 | 0.036     |
| 195 | c1027                  | 0.142 | 0.158 | 0.192 | 0.144 | 0.125 | 0.152 | 0.001     |
| 196 | c1024                  | 0.056 | 0.069 | 0.319 | 0.069 | 0.092 | 0.121 | 0.012     |
|     | média                  | 0.889 | 0.991 | 1.407 | 1.342 | 1.349 | 1.196 | 0.224     |
|     | variância              | 0.256 | 0.301 | 0.419 | 0.439 | 0.434 | 0.235 | 0.056     |
|     | média dos primeiros 20 |       |       |       |       |       | 2.014 |           |
|     | média dos primeiros 40 |       |       |       |       |       | 1.887 |           |
|     | média dos primeiros 60 |       |       |       |       |       | 1.779 |           |

### Exercício 2.1

- Identifique no quadro a média geral, a estimativa da variância ambiental e da variância fenotípica ao nível da média dos genótipos.
- De acordo com os valores obtidos, calcule a estimativa da variância genotípica e a heritabilidade em sentido lato (ao nível da média dos genótipos).

## Exercício 2.2

Na verdade, a POP de Touriga Nacional atrás descrita foi instalada de acordo com um delineamento experimental em 5 blocos casualizados completos. O modelo linear misto correspondente (1 factor de efeitos fixos, 1 factor de efeitos aleatórios, equilibrado) é o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu_1 + \beta_i + g_j + e_{ij},$$

para  $i = 1, \dots, r, j = 1, \dots, a, n = ar$ , em que  $r$  representa o número de blocos e  $a$  o número de genótipos, com  $\beta_1 = 0$ .  $Y_{ij}$  é o rendimento do genótipo  $j$  no bloco  $i$  (valor fenotípico),  $\mu_1$  é o rendimento esperado no bloco 1,  $\beta_i$  representa o efeito bloco  $i$  (acrésimo relativamente  $\mu_1$ ; efeito fixo),  $g_j$  representa o efeito do genótipo  $j$  (efeito aleatório) e  $e_{ij}$  é o erro aleatório associado à observação  $Y_{ij}$ . Admite-se:

$g_j$ , variável aleatória independente e identicamente distribuída (i. i. d),

com distribuição  $\mathcal{N}(0, \sigma_g^2)$ ,  $\forall j$  (efeitos associados aos genótipos);

$e_{ij}$ , i. i. d,  $\mathcal{N}(0, \sigma_e^2)$ ,  $\forall ij$  (erros aleatórios).

O quadro de análise de variância correspondente ao modelo descrito é o seguinte.

|                     | G.L.              | S.Q.   | QM     | E[QM]   | F                  |
|---------------------|-------------------|--------|--------|---|--------------------|
| Factor A (bloco)    | $r - 1$           | $SQB$  | $QMB$  | $\frac{a}{r-1} \sum_{i=1}^r (\beta_i - \bar{\beta})^2 + \sigma_e^2$ | $\frac{QMB}{QMRE}$ |
| Factor B (genótipo) | $a - 1$           | $SQG$  | $QMG$  | $\sigma_e^2 + r\sigma_g^2$  | $\frac{QMG}{QMRE}$ |
| Resíduos            | $n - (r + a - 1)$ | $SQRE$ | $QMRE$ | $\sigma_e^2$  |                    |
| TOTAL               | $n - 1$           | $SQT$  |        |   |                    |

Os estimadores das componentes de variância são:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QMRE}{r} \text{ e } \hat{\sigma}_e^2 = QMRE.$$

Para a POP de Touriga Nacional atrás descrita, parte do quadro de análise de variância com os resultados obtidos com o ajustamento do modelo linear misto aos dados de rendimento é o seguinte:

| Fontes de variação | g.l. | Quadrados médios (QM) |
|--------------------|------|-----------------------|
| Bloco              | 4    | 11.0579               |
| Clone              | 195  | 1.1736                |
| Resíduos           | 780  | 0.1689                |

a) Qual o valor da heritabilidade em sentido lato (ao nível da média dos genótipos)? Confronte com o valor obtido na pergunta 1 e comente.

b) Se o número de repetições do ensaio fosse maior, qual seria a consequência esperada no valor da heritabilidade em sentido lato?

- c) Qual o valor do coeficiente de variação genotípico do rendimento?
- d) Quais os melhores preditores lineares empíricos não enviesados (EBLUPs) dos efeitos genotípicos do rendimento para o clone ordenado em 1º lugar, 101º lugar e último lugar? Comente.
- e) Qual a previsão do ganho genético do rendimento ao selecionar os 40 melhores clones em rendimento? E os melhores 20?

### EXERCÍCIO 3

Um ensaio de seleção da videira da casta Antão Vaz, com uma amostra de 210 genótipos (clones) representativa da variabilidade da casta, foi instalado segundo um delineamento experimental com 5 repetições. Durante vários anos foi avaliado o rendimento dos clones (kg/planta) e obtiveram-se os seguintes resultados: média geral = 3,676kg/planta; média dos 30 clones superiores em rendimento = 5,065 kg/planta; estimativa da variância fenotípica ao nível da média dos clones ( $\hat{\sigma}_{P(média)}^2$ ) = 0,901; estimativa da variância do erro ( $\hat{\sigma}_E^2$ ) = 1,126.

3.1 Indique a fase da metodologia de seleção da videira à qual este ensaio pertence.

3.2 Calcule o valor da heritabilidade em sentido lato (ao nível da média dos clones). Interprete o valor obtido.

3.3 Qual é a previsão do ganho genético (em % da média da população) a obter com a seleção dos 30 genótipos superiores em rendimento?

### EXERCÍCIO 4

4.1 Em que fase da metodologia de seleção da videira é estudada a interação genótipoxambiente?

4.2 Como deve um viticultor lidar com o problema da interação genótipoxambiente?

### EXERCÍCIO 5

Na seleção de uma variedade antiga de videira em que condições se conseguem elevados ganhos de características quantitativas?

## Soluções/Resoluções dos exercícios

**EXERCÍCIO 1.** Estudar a aula teórica.

## EXERCÍCIO 2

### Exercício 2.1

a)  $MG = 1,196$ ;  $\hat{\sigma}_e^2 = 0,224$  (QMRE);  $\hat{\sigma}_{P(média)}^2 = 0,235$ .

| ord | clone            | rep1         | rep2         | rep3         | rep4         | rep5         | média        | variância    |
|-----|------------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| 1   | c4106            | 1.975        | 1.969        | 1.819        | 2.967        | 3.392        | 2.424        | 0.502        |
| 2   | c3829            | 2.225        | 1.558        | 2.294        | 1.894        | 2.792        | 2.153        | 0.214        |
| 3   | c5107            | 1.569        | 2.058        | 2.869        | 2.269        | 1.944        | 2.142        | 0.230        |
| 4   | c4227            | 1.231        | 2.119        | 3.558        | 1.342        | 2.419        | 2.134        | 0.888        |
| 5   | c0103            | 1.508        | 2.192        | 2.792        | 2.408        | 1.592        | 2.098        | 0.298        |
| 6   | c2402            | 1.708        | 1.794        | 2.258        | 1.719        | 2.925        | 2.081        | 0.274        |
| ... | ...              | ...          | ...          | ...          | ...          | ...          | ...          | ...          |
| 101 | c5201            | 0.558        | 1.369        | 0.992        | 1.292        | 1.438        | 1.130        | 0.131        |
| 102 | c3330            | 0.831        | 0.925        | 1.558        | 1.269        | 1.058        | 1.128        | 0.085        |
| 103 | c5203            | 0.808        | 0.858        | 1.644        | 0.469        | 1.858        | 1.127        | 0.352        |
| 104 | c3932            | 0.588        | 0.794        | 1.492        | 1.388        | 1.369        | 1.126        | 0.165        |
| 105 | c2417            | 1.138        | 0.558        | 1.319        | 1.158        | 1.419        | 1.118        | 0.112        |
| 106 | c5216            | 0.625        | 0.525        | 1.819        | 1.494        | 1.125        | 1.118        | 0.307        |
| ... | ...              | ...          | ...          | ...          | ...          | ...          | ...          | ...          |
| 192 | c4707            | 0.094        | 0.569        | 0.394        | 0.325        | 0.644        | 0.405        | 0.047        |
| 193 | c5106            | 0.319        | 0.392        | 0.369        | 0.238        | 0.444        | 0.352        | 0.006        |
| 194 | c5217            | 0.144        | 0.158        | 0.544        | 0.319        | 0.519        | 0.337        | 0.036        |
| 195 | c1027            | 0.142        | 0.158        | 0.192        | 0.144        | 0.125        | 0.152        | 0.001        |
| 196 | c1024            | 0.056        | 0.069        | 0.319        | 0.069        | 0.092        | 0.121        | 0.012        |
|     | <b>média</b>     | <b>0.889</b> | <b>0.991</b> | <b>1.407</b> | <b>1.342</b> | <b>1.349</b> | <b>1.196</b> | <b>0.224</b> |
|     | <b>variância</b> | <b>0.256</b> | <b>0.301</b> | <b>0.419</b> | <b>0.439</b> | <b>0.434</b> | <b>0.235</b> | <b>0.056</b> |

A média das variâncias ambientais das repetições de cada genótipo fornece uma estimativa variância ambiental ( $\hat{\sigma}_e^2$ ).

A variância dos valores médios observados de cada genótipo, fornece uma estimativa da variância fenotípica ao nível da média do genótipo ( $\hat{\sigma}_{P(média)}^2$ )

b) Sabemos que  $\hat{\sigma}_{P(média)}^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2/r$ , em que  $r = 5$  (temos 5 repetições).

$$\text{Logo, } \hat{\sigma}_g^2 = 0,235 - \frac{0,224}{5} = 0,1902.$$

A heritabilidade em sentido lato, ao nível da média dos genótipos, é dada por:

$$h_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2/r}. \text{ Obtém-se, então, } h_g^2 = \frac{0,1902}{0,235} = 0,809. \text{ Isto significa que } 80,9\%$$

da variabilidade fenotípica ao nível da média dos genótipos é de origem genotípica.

### Exercício 2.2

a) Com base nesta análise:  $\hat{\sigma}_e^2 = QMRE = 0,1689$ ;  $\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QMRE}{r} = 0,20094$ . Com a inclusão do factor bloco (admite - se um factor de efeitos fixos), a variância residual diminui, a estimativa da variância genotípica aumenta e, obviamente, a variância

fenotípica ao nível da média permanece igual. Este resultado indica que o valor da heritabilidade em sentido lato irá aumentar. De facto, tem-se agora

$$h_g^2 = \frac{0,20094}{0,20094 + \frac{0,1689}{5}} = 0,856.$$

Isto significa que 85,6% da variabilidade fenotípica ao nível da média dos genótipos é explicada por causas genotípicas.

O controlo da variação espacial, através da inclusão do factor bloco no modelo de análise, teve como consequência o aumento da heritabilidade e, consequentemente, uma maior precisão na predição dos efeitos genotípicos. Este resultado revela a importância do delineamento experimental para o aumento da eficiência da seleção, assim como alerta para as consequências negativas de uma análise não incluir todos os factores que contribuem para o valor obtido da variável resposta (valor fenotípico).

b) Se o número de repetições fosse maior, seria de esperar um aumento do valor da heritabilidade em sentido lato, ao nível da média do genótipo, pois ao nível da média, a expressão da heritabilidade é dada por  $h_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2/r}$ . À medida que o  $r$  aumenta, menor é o denominador, logo, maior é a aproximação entre as variâncias genotípica e fenotípica.

c) Coeficiente de variação genotípico do rendimento:

$$CV_g(\%) = \frac{\hat{\sigma}_g}{\text{média geral}} \times 100 = \frac{\sqrt{0,20094}}{1,196} \times 100 = 37,4\%.$$

Este coeficiente é útil para comparar variabilidade genética entre características e entre castas.

d) No caso do modelo ajustado, o Melhor Preditor Linear Empírico Linear Não Enviesado (EBLUP) do efeito genotípico do genótipo (clone)  $i$  é dado por:

$$EBLUP(gen_j) = \frac{r\hat{\sigma}_g^2}{r\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2} (\text{média do genótipo } j - \text{média geral}).$$

Logo, os EBLUPs dos efeitos genotípicos do rendimento para os 3 clones em análise são:

$EBLUP$  (1º clone) =  $0,856 \times (2,424 - 1,196) = 1,051168$  kg/planta; Prevê-se que o seu potencial genético seja 1,051168 kg/planta acima da média.

O rendimento médio previsto do clone devido a causas genotípicas (valor genotípico previsto) é de 2,247 kg/planta (média da população = 1,196 kg/planta; rendimento médio previsto =  $1,196 + 1,051168 = 2,247$  kg/planta).

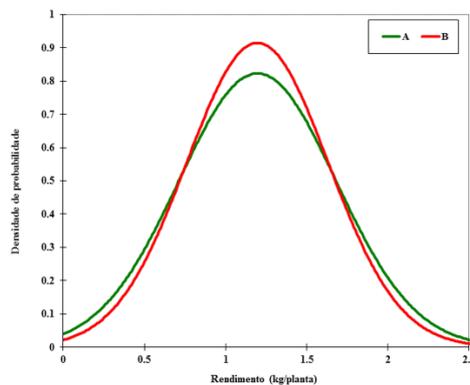
$EBLUP$  (101º clone) =  $0,856 \times (1,130 - 1,196) = -0,0565$  kg/planta, ou seja, muito próximo de zero. O rendimento médio previsto do clone devido a causas

genotípicas (valor genotípico previsto) é de 1,140 kg/planta, um valor muito próximo da média da população.

$$EBLUP (196^o) = 0,856 \times (0,121 - 1,196) = -0,9202 \text{ kg/planta.}$$

Geneticamente prevê-se que produza menos 0,9202 kg/planta que a média da população.

Os EBLUPs têm distribuição normal de valor médio zero e variância  $\sigma_g^2$ . A variabilidade dos valores genotípicos previstos é sempre menor que a variabilidade dos valores fenotípicos. Por exemplo, na figura seguinte estão representadas as distribuições dos valores genotípicos previstos e dos valores fenotípicos numa população. A curva A (verde) corresponde à distribuição dos valores fenotípicos, a curva B (vermelha) corresponde à distribuição dos valores genotípicos.



- e) A previsão do ganho genético do rendimento ao selecionar os 40 melhores clones, é dada por:  $R = S \times h_g^2 = (1,887 - 1,196) \times 0,856 = 0,591496 \text{ kg/planta}$ . Em % da média da população,  $R(\%) = \frac{0,591496}{1,196} = 49,5\%$ . Este cálculo é equivalente a calcular o ganho genético como a média dos EBLUPs dos efeitos genotípicos dos 40 genótipos selecionados.

Ao selecionar os 20 melhores clones o ganho genético será maior uma vez que o diferencial de seleção ( $S = M_{sel} - MG$ ) será maior. Fazendo os cálculos obtém-se uma previsão do ganho genético do rendimento, em % da média da população, de  $R(\%) = 58,5\%$ .

### EXERCÍCIO 3

3.1. O ensaio pertence à fase 2 da metodologia de seleção da videira. Foi instalado com uma amostra (de genótipos) representativa da variabilidade da casta. Portanto, cumpre 3 objetivos: conservação da variabilidade intra-varietal; permite avaliar a variabilidade intra-varietal para características quantitativas de interesse e fazer seleção policlonal.

3.2. O valor da heritabilidade em sentido lato, ao nível da média do genótipo:

$h_{g(média)}^2 = 0,75$ . Significa que 75 % da variabilidade fenotípica (ao nível da média) é explicada por causas genotípicas;

3.3. A previsão do ganho genético do rendimento ao selecionar os 30 melhores clones (em % da média da população),  $R(\%) = 28,3\%$ .

#### **EXERCÍCIO 4**

4.1 Na fase 3 - instalação de vários ensaios de comparação clonal nas principais regiões de cultura da casta com 20-40 genótipos selecionados na fase 2.

4.2 Usar vários clones certificados, da ordem de 7, ou usar material policlonal.

#### **EXERCÍCIO 5**

Na seleção de uma variedade antiga de videira conseguem-se elevados ganhos de características quantitativas quando a heritabilidade em sentido lato e o diferencial de seleção são elevados. Isto é, quando existe controlo dos desvios ambientais e quando a variabilidade genética da casta para essas características é elevada.