

GENÉTICA E MELHORAMENTO E PLANTAS

FORMULÁRIO

GENÉTICA DE POPULAÇÕES	
Em regime de autofecundação cruzando duas plantas homocigóticas	Tende-se para a homocigotidade com o avanço das gerações, segundo a expressão: $\% \text{ homocigóticos} = \left(1 - \frac{1}{2^{g-1}}\right) \times 100$ 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 , respectivamente.
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: $X^2 = \sum_{i=1}^a \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i} \sim \chi^2_{1}$, sob H_0 a – n° 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 heterocigóticos obtida segundo a lei de H-W; H_o é a frequência observada de heterocigóticos na população.
Coefficiente 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.

GENÉTICA E MELHORAMENTO E PLANTAS

FORMULÁRIO

GENÉTICA QUANTITATIVA	
<p>Para o modelo clássico a 1 factor de efeitos aleatórios:</p> <p>O melhor preditor empírico linear não enviesado (EBLUP) do efeito genotípico i (g_i) com r repetições</p> <p>O estimador da variância do erro de predição (PEV) do efeito genotípico para o genótipo i</p> <p>Precisão relativa associada ao EBLUP do efeito genotípico do genótipo i (REL_i)</p>	$EBLUP(g_i) = \frac{r\hat{\sigma}_g^2}{r\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2} (\text{média genótipo } i - \text{média geral})$ $PEV_i = \frac{\hat{\sigma}_e^2 \hat{\sigma}_g^2}{r\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2}$ $REL_i = \frac{r\hat{\sigma}_g^2}{r\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2}$
<p>Em modelos não equilibrados e com estruturas de covariâncias complexas:</p> <p>Uma medida aproximada da heritabilidade em sentido lato (ao nível da média dos genótipos)</p> <p>Precisão relativa associada ao EBLUP do efeito genotípico do genótipo i (REL_i)</p>	$h_g^2 = 1 - \frac{\overline{PEV}}{\hat{\sigma}_g^2}$ <p>em que \overline{PEV} representa a média da variância dos erros de predição dos efeitos genotípicos</p> $REL_i = 1 - \frac{PEV_i}{\hat{\sigma}_g^2}$
<p>Populações experimentais P_1, P_2, F_1, F_2 e <i>Backcross</i> (P_1 e P_2 linhas puras)</p>	<p>A soma de duas variâncias fenotípicas de dois cruzamentos retrógrados:</p> $V_P(B1) + V_P(B2) = V_A + 2V_D + 2V_E$
<p>Análise de famílias de meios irmãos</p> <p>Heritabilidade ao nível da média das famílias, aplicada a todos os modelos</p> <p>Precisão relativa associada ao EBLUP da família i (REL_i), aplicada a todos os modelos</p>	$h_{fam}^2 = 1 - \frac{\overline{PEV}}{\hat{\sigma}_{fam}^2}$ <p>sendo \overline{PEV} a média da variância dos erros de predição dos EBLUPS das famílias</p> $REL_i = 1 - \frac{PEV_i}{(1+F)\hat{\sigma}_{fam}^2}$ <p>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.</p>
<p>Correlação fenotípica entre a característica x e y (r_p)</p>	$r_p = \frac{COV_{PX, PY}}{\sigma_{PX}\sigma_{PY}}$ <p>Podem ser escritas em função das heritabilidades das características:</p> $r_p = \sqrt{h_x^2} \sqrt{h_y^2} r_g + \left(\sqrt{1-h_x^2}\right) \left(\sqrt{1-h_y^2}\right) r_E$ <p>sendo, r_g a correlação genética e r_E a correlação ambiental.</p>
<p>Correlação genética entre a característica x e y (r_g)</p>	$r_g = \frac{COV_{gX, gY}}{\sigma_{gX}\sigma_{gY}}$
<p>O teste de hipóteses à componente de variância genotípica (ou variância das famílias de meios-irmãos) baseia-se em testes de razão de verossimilhanças.</p>	<p>A estatística do teste de razão de verossimilhanças restritas é dada por</p> $\Lambda = 2(l_{R_1} - l_{R_0}) \sim \chi_1^2, \text{ sob } H_0$ <p>sendo l_{R_1} a log-verossimilhança restrita associada ao modelo completo e l_{R_0} a log-verossimilhança restrita associada ao modelo reduzido (sem efeitos genotípicos (ou sem efeitos das famílias))</p> $\chi_{0.05(1)}^2 = 3.84$