**Relatório 01–Elaboração do Croqui, Cálculo da Área e Densidade de Plantio**

Este relatório teve por objetivo enfatizar a importância do planejamento dentro de um programa de melhoramento, sendo fundamental para a implantação do experimento, condução e avaliação dos genótipos. Além disso, a partir das áreas estimadas (útil e total) e da densidade de plantio, torna-se possível estimar os custos de implantação, colheita e com os tratos culturais. Por fim, este relatório evidencia a utilização de conceitos estatísticos como, repetição, casualização e controle local, de forma prática.

**A proposta**

* Foram utilizados 5 híbridos comerciais: 1 – Pioneer/30F53; 2 – Dekalb/DKB390; 3 – Morgan/MG545; 4 – Santa Helena/SHS7990; e 5 – Limagrain/LG36610. Dispostos em parcelas com 24 plantas (2 linhas com 12 plantas), com espaçamento entre plantas de 0.5 m e 4 m de comprimento. As cinco parcelas constituem um bloco.
* Linhas duplas foram utilizadas nas bordaduras laterais, e nas bordaduras das extremidades 2 m de bordadura.
* Entre os blocos há caminhos com espaçamento de 1 m, e entre parcelas não há caminhos.

**Resposta esperada**

1. **Elaboração do croqui (6.0 pts)**

Delimitação dos blocos: deve apresentar o esquema dos 4 blocos assim como, a delimitação destes

Delimitação dos caminhos: deve apresentar 5 caminhos dispostos de maneira correta

Delimitação das parcelas: deve conter o espaçamento entre plantas, sorteio das parcelas e delimitações adequadas

Delimitação das bordaduras: deve conter bordaduras nas laterais e nas extremidades, de acordo com a proposta do relatório.

Quanto ao esquema: o esquema deve apresentar 2 bordaduras nas extremidades, 2 bordaduras nas laterais, 4 blocos, 5 caminhos e a nomenclatura.

Quanto a representação: deve constar as dimensões da área como, comprimento do bloco, da bordadura lateral, da bordadura da extremidade, do caminho e da parcela.

1. **Cálculo da área total e área útil (2.0 pts)**

A área útil corresponde a somatória das áreas dos blocos, sabemos que cada parcela possui 4 m de comprimento e 1 m de largura, portanto 4 m². Como cada bloco possui 5 parcelas, temos que:

Área de 1 bloco = 4 m² x 5 = 20 m²

Área útil = 20² x 4 blocos = 80 m²

Já a área total pode ser representada por um retângulo de dimensões 25 x 7 m. A largura deste retângulo é representada pela somatória da largura dos blocos (5 metros) com as 2 bordaduras laterais (1m cada). Já o comprimento corresponde: comprimento dos blocos (4 m x 4 blocos) + comprimentos dos caminhos (1 m x 5 caminhos) + comprimento das bordaduras das extremidades (2 m x 2 bordaduras), o que resulta em 25 m (Figura 1).

Área total = 25 m x 7 m = 175 m²

1. **Cálculo da densidade de plantio (2.0 pts)**

No cálculo de densidade foi considerado tanto número de sementes pré desbaste quanto pós. Neste caso, temos que a parcela possui 24 plantas (com desbaste) ou 30 plantas (sem desbaste). Como a parcela possui 4 m², por regra de três temos que:

Sem desbaste

30 plantas --------------- 4 m²

X plantas ----------------10000 m²

X = 75000 plantas por hectare.

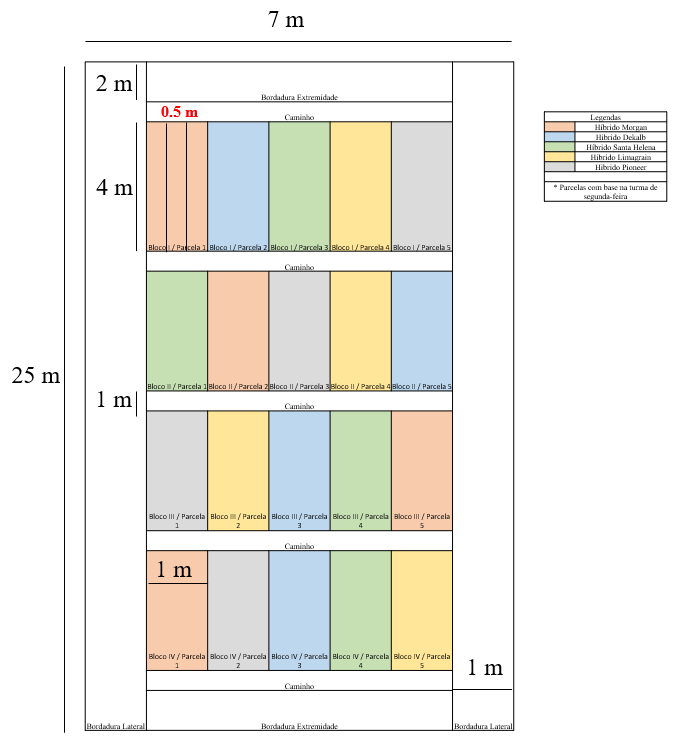
Com desbaste:

24 plantas ------------------ 4 m²

Y plantas ------------------10000 m²

Y = 60000 plantas por hectare.

**Figura 1. Croqui da área, parcelas de acordo com o sorteio da turma de segunda-feira.**

****

**Relatório 02 – Recursos Genéticos: estratégias visando aumentar o acesso aos bancos de germoplasma à sociedade**

**A proposta**

Pesquise e descreva de forma sucinta uma iniciativa (pesquisa, site, plataforma, ONG etc) visando aumentar o acesso a germoplasma para a sociedade.

**Resposta esperada**

Neste relatório espera-se que o estudante apresente uma intervenção de qualquer natureza que resulte em maior acesso aos bancos de germoplasma.

1. **Avaliação da iniciativa apresentada (2.0 pts)**

A iniciativa deve apresentar uma das seguintes abordagens: 1) impacto / importância social; 2) importância econômica; e 3) importância para conservação da espécie.

1. **Descrição sucinta da iniciativa (5.0 pts)**

O estudante deve descrever de forma sucinta a iniciativa, abordando qual é o impacto da iniciativa para conservação da espécie, para manutenção da diversidade genética ou ainda, para o desenvolvimento de novos cultivares. Além disso, deve apontar quais foram os motivos ou justificativas que levaram a criação, implantação ou divulgação da iniciativa em questão, levando em conta as estratégias que vem sendo utilizadas pela iniciativa afim de aumentar o acesso aos bancos de germoplasma para a sociedade. Deste modo, torna-se possível compreender qual a iniciativa proposta, o motivo de sua criação e as estratégias que vêm sendo utilizadas na ampliação do acesso a bancos de germoplasma.

1. **Aspectos Gerais (1.5 pts)**

O estudante deve compreender a importância do assunto teórico visto em aula seja para a conservação de espécies ou para o desenvolvimento de novos cultivares. Assim, espera-se que o estudante seja capaz de visualizar a importância dos recursos genéticos e da preservação destes. Outro critério levado em conta foi a apresentação geral da iniciativa, levando em conta a presença de um destes conceitos: coleta de genótipos, caracterização e avaliação, regeneração e multiplicação, intercâmbio, erosão genética ou vulnerabilidade genética.

1. **Apresentação geral da iniciativa (1.5 pts)**

Neste tópico avaliou-se a coerência da iniciativa apresentada com a proposta, a redação e o impacto social / econômico da iniciativa ou ainda, projeções.

**Relatório 03 – Parâmetros Genéticos / Estimativa de Herdabilidade (Sentido Amplo)**

**A proposta**

Em uma população de uma espécie alógama foram avaliados 3 caracteres (X, Y e Z) que apresentam distribuição contínua. As diferentes variâncias para os 3 caracteres são apresentadas a seguir:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Variância | X | Y | Z |
| Fenotípica | 300 | 550 | 120 |
| Ambiental | 240 | 280 | 30 |
| Genética | 60 | 270 | 90 |

1. Calcule as herdabilidades no sentido amplo para cada caráter **(4.5 pts)**
2. Nessa população qual caráter deverá responder melhor à seleção? Porque? **(2.0 pts)**
3. Com o objetivo de aumentar a média populacional para o caráter Z, foram selecionados alguns indivíduos cuja média era 16.5. Qual a média esperada dos descendentes destes indivíduos selecionados, considerando que a média da população original era de 10.5? **(3.5 pts)**

**Resposta esperada**

1. O cálculo da herdabilidade neste caso é no sentido amplo, sendo expressa como a razão entre variância genética e fenotípica. As variâncias foram fornecidas pelo exercício, portanto tem-se as seguintes estimativas esperadas:

Para o caráter X:

h² = σ² genética / σ² fenotípica ou h² = σ² genética / σ² genética + σ²ambiental

h² = 60/300 = 0.20 ou h² = 60/240+60 = 0.20

A herdabilidade estimada ao caráter X foi de 0.20 ou 20%.

Para o caráter Y:

h² = σ² genética / σ² fenotípica ou h² = σ² genética / σ² genética + σ²ambiental

h² = 270/550 = 0.49 ou h² = 270/270+280 = 0.49

A herdabilidade estimada ao caráter Y foi de 0.49 ou 49%.

Para o caráter Z:

h² = σ² genética / σ² fenotípica ou h² = σ² genética / σ² genética + σ²ambiental

h² = 90/120 = 0.75 ou h² = 90/90+30 = 0.75

A herdabilidade estimada ao caráter Z foi de 0.75 ou 75%.

1. O estudante deve apresentar qual caráter deve responder melhor a seleção, mas também a justificativa da escolha. O caráter que responderá melhor à seleção será o caráter Z, pois foi o que apresentou a maior estimativa de herdabilidade na comparação com os demais. Considerando que o diferencial de seleção é o mesmo para as três características, e que o ganho de seleção é dado pela multiplicação do diferencial de seleção e herdabilidade, tem-se que os maiores ganhos com a seleção corresponde ao caráter que possui maior herdabilidade, portanto Z. Além disso, analisando a relação entre as variâncias, tem-se que o caráter Z sofre pouca influencia ambiental, facilitando a caracterização dos genótipos, e consequentemente, a seleção.
2. A média da população melhorada é dada como a soma da população original mais o ganho com a seleção. Neste sentido, torna-se necessário o cálculo do diferencial de seleção, e consequentemente, do ganho de seleção para caráter Z.

1° Passo: Cálculo do *DS*

Média Pop. Original *DS = média pop. Selecionada – média pop. Original*

**10.5** *DS =* 16.5 – 10.5 = 6

Média Sel.

**16.5**

2° Passo: Cálculo do *GS*

Onde: *GS =* h² do caráter Z x *Ds*

*GS =* 0.75 x 6 = 4.5

3º Passo: Cálculo da Média da População Melhorada

Onde: *Média pop. Melhorada = Média pop. Original + GS*

*Média pop. Melhorada =* 10.5 + 4.5 = 15.0

Portanto, a média dos descendentes é de 15.0, nota-se que houve um aumento de 4.5 em relação a média da população original.

**Relatório 04 – A importância dos descritores na identificação de cultivares**

**A proposta**

Considere que você foi convocado para fazer um laudo de sinistro em uma propriedade na qual houve quebra significativa de produtividade seu objetivo será identificar o cultivar plantado pelo agricultor. Assim, busque na página do MAPA pelo menos oito descritores para Arroz e oito de Cana-de-açúcar. Justifique a escolha destes critérios na identificação.

**Resposta esperada**

Como já foi constatado quebra em produtividade, assume-se que existe talhões na área que não foi colhido ainda. No caso da Cana-de-açúcar, tem-se o cultivo da mesma cultivar por 7 a 8 cortes, com isso mesmo sendo observado quebra em produtividade no primeiro corte é possível avaliar e definir o cultivar em campo após o primeiro corte.

A descrição da cultivar de cana-de-açúcar de acordo com o MAPA deve ser com base na touceira, sendo a avaliação realizada durante o primeiro corte. Além disso, os descritores relacionados ao colmo (cor dos entrenós, comprimento dos entrenós, diâmetro dos entrenós), gemas (tipo de gema, distribuição dos pelos nas gemas) e palmito (cor do palmito, comprimento) podem ser utilizados para estádios próximos da colheita. É importante ressaltar que caracteres relacionados aos órgãos reprodutivos são os que menos sofrem por ação ambiental.

Em relação a caracterização do cultivar de arroz, pode-se fazer o uso de descritores que são poucos influenciados pelo ambiente como, pubescência da folha e das glumelas; coloração do apículo; presença de arista; coloração da aurícula, lígula, do internódio, do estigma, do apículo, das glumelas e das glumas estéreis; classe cor e forma da cariopse; e ângulo da folha bandeira, além de outros descritores disponíveis. Neste caso, pode-se optar pelo uso de descritores relacionados aos órgãos reprodutivos.

Com isso, espera-se que o estudante apresente pelo menos oito descritores para arroz **(4.0 pts)** e oito descritores para Cana-de-açúcar **(4.0 pts)**. A escolha dos descritores deve ser justificada, de acordo com a facilidade de avaliação a nível de campo, com o estádio fenológico da cultura ou ainda, de acordo com a influência do ambiente sob o descritor **(2.0 pts)**.

**Relatório 05 – Parâmetros Genéticos / Estimativa de Herdabilidade (Sentido Restrito)**

**A proposta**

Dado que:

h² = VA/VF = VA/VG + VE + VGE

Onde:

h² - Herdabilidade / VA – Variância Aditiva / VG – Variância Genética Total / VE – Variância Ambiental / VGE – variância da interação G X E

Considere três diferentes programas de melhoramento (A, B e C) de soja que avaliaram seus ensaios finais de lançamento de cultivares em diversos locais.

Programa A: Avaliou 50 linhagens em **40** locais distribuídos no Mato Grosso, em ensaios em blocos com **3** repetições. Este obteve os seguintes componentes de variância: VA = 100, VE = 100 e VGE = 100.

Programa B: Avaliou 50 linhagens em **5** locais distribuídos no Mato Grosso, em ensaios em blocos com **3** repetições. Este obteve os seguintes componentes de variância: VA = 100, VE = 100 e VGE = 100.

Programa C: Avaliou 50 linhagens em **40** locais em todo o Brasil, em ensaios em blocos com **3** repetições. Este obteve os seguintes componentes de variância: VA = 10, VE = 100 e VGE = 1000.

Estime as herdabilidades de cada programa, compare e discuta os resultados.

**A resposta esperada**

Para estimar a variância genética total, deve-se atentar a duas informações: trata-se de**soja** e de **ensaios finais do programa de melhoramento**, como a soja é uma planta autógama e as fases finais de melhoramento corresponde a linhagens quase que completamente homozigotas, considera-se que o efeito gênico que exerce maior influência é o aditivo, sendo os demais desprezíveis.

Deste modo, a variância genética total é dada por:

**var (genética total) = var(aditiva) + var (dominância) + var (epistasia)**

Neste caso, considera-se que:

**var (genética total) = var(aditiva)**

Com base nesta informação, torna-se possível a estimativa da herdabilidade no sentido restrito, que pode ser expressa de acordo com a expressão abaixo:

herdabilidade= var (aditiva)/ (var (genética total) + (var (genótipo x ambiente) /n°locais) + (var(ambiente)/n°locais x n°repetições))

Estimativa da h² para o programa A **(2.3 pts)** :

VA = 100 / VE = 100 / VGE = 100 / n°locais = 40

h² = (100) / (100 + (100/40) + (100/40 x 3)) = 100/103.33 = 0.967 = 0.98

A herdabilidade no sentido restrito estimada ao programa A foi de aproximadamente 0.98 ou 98%.

Estimativa da h² para o programa B **(2.4 pts)** :

VA = 100 / VE = 100 / VGE = 100 / n°locais = 5

h² = (100) / (100 + (100/5) + (100/5 x 3)) = 100/126.67 = 0.789 = 0.79

A herdabilidade no sentido restrito estimada ao programa B foi de aproximadamente 0.79 ou 79%.

Estimativa da h² para o programa C **(2.3 pts)** :

VA = 10 / VE = 100 / VGE = 1000 / n°locais = 40

h² = (10) /(10 + (1000/40) + (100/40 x 3)) = 10/35.83 = 0.28

A herdabilidade no sentido restrito estimada ao programa C foi de aproximadamente 0.28 ou 28%.

Discussão dos resultados **(3.0 pts**) :

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Programa | Locais | Repetições | VA | VGE | VE | h² |
| A | 40 (MT) | 3 | 100 | 100 | 100 | **0.967** |
| B | 5 (MT) | 3 | 100 | 100 | 100 | **0.79** |
| C | 40 (BR) | 3 | 10 | 1000 | 100 | **0.28** |

Na discussão, espera-se que o estudante aponte o programa que apresentou a menor estimativa de herdabilidade (Programa C) assim como, o programa que apresentou a maior estimativa de herdabilidade (Programa A), relacionando a estimativa com a influência do ambiente e com a distribuição geográfica dos locais de ensaios **(1.0 pt)**.

Comparando o programa A e B, podemos observar que à medida que se aumenta o número de locais avaliados no mesmo estado, tem-se aumento na estimativa de herdabilidade, ao passo que a variância da interação genótipo x ambiente e a variância ambiental está sendo ponderado pelo número de locais e de repetições. Nota-se que os programas A e B apresentam os mesmos valores de variância (VA, VE e VGE), portanto a diferença é dada pelo aumento do número de locais avaliados **(1.0 pt)**.

Na comparação entre os programas A e C, nota-se que o programa C apresentou valor superior de VGE, pois os locais de avaliações do programa C compreendeu uma extensão territorial maior, e consequentemente, maiores divergências edafoclimáticas na comparação com o programa A. Com isso, mesmo os dois programas apresentando o mesmo número de locais de avaliação (40 locais), tem-se estimativa de herdabilidade inferior ao programa C **(1.0 pt)**.

**Relatório 06 – Seleção de Genitores – divergência genética, complementariedade e desempenho individual**

**A Proposta**

Na seleção de genitores, além do desempenho individual do indivíduo, divergência genética e complementariedade são importantes para gerar progênies superiores. Explique como estes componentes estão relacionados com a segregação transgressiva (autógamas) e a heterose (alógamas).

**Resposta Esperada**

1. Relação entre divergência genética e heterose **(2.0 pts)**

A utilização e exploração da diversidade genética é um dos grandes objetivos de qualquer programa de melhoramento, visando o desenvolvimento de novos cultivares. Na seleção de genitores, a utilização de parentais que sejam geneticamente distintos evidencia uma das formas de exploração da diversidade genética existente. De forma geral, à medida que utilizamos genótipos com constituições alélicas diferentes, aumenta-se as chances de obtenção de combinações alélicas favoráveis a características de interesse, desde que sejam materiais com complementariedade alélica. **Em espécies alógamas, tem-se que a utilização de genitores divergentes maximiza a obtenção de progênies heterozigotas, o que permite a identificação de cruzamentos e progênies com desempenho superior em relação a média dos parentais.**

1. Relação entre divergência genética e segregação transgressiva **(2.0 pts)**

Já em espécies autógamas, deve-se lembrar que segregação transgressiva pode ser compreendida como o desempenho superior da progênie aos limites estabelecidos pelos parentais, o que também pode ser explorado quando trabalha-se com parentais com constituição alélica diferentes. Neste caso, tem-se com avanço das gerações, a geração de indivíduos homozigotos com desempenho superior aos parentais e com constituição alélica diferente dos genitores, evidenciando a importância da diversidade genética na seleção de genitores. Deste modo, a exploração da diversidade genética entre os genitores resulta em maior efeito heterótico nas progênies (espécies alógamas), mas também em maior probabilidade de recuperar recombinantes superiores nas gerações segregantes (espécies autógamas).

Além da diversidade genética, tem-se que a avaliação do desempenho dos genitores e a análise da complementariedade alélica para as características de interesse também exerce efeito na exploração do efeito heterótico assim como, na recuperação de recombinantes. A utilização de cruzamentos convergentes com genitores de elevado desempenho, é fundamental principalmente quando trabalha-se com caracteres quantitativos, ao passo que contribui na fixação de maior número de alelos favoráveis nas gerações subsequentes (importante em autógamas), e contribui para obtenção de progênie com combinações alélicas que resultem em desempenho superior aos genitores (importante em alógamas).

1. Relação entre complementariedade e heterose/segregação transgressiva **(4.0 pts)**

Em relação a complementariedade entre as características, espera-se que os genitores selecionados apresentem características divergentes, porém que a combinação entre estas características (pelo cruzamento) resulte em progênies que contemplem características desejáveis de ambos os parentais. O que pode ser evidenciado na geração de híbridos no caso de alógamas – pela exploração da heterose- ou ainda, na geração de linhagens em autógamas, pela exploração da segregação transgressiva. Com isso, demonstra-se que os três componentes descritos -desempenho dos genitores, complementariedade e diversidade genética- são fundamentais, em conjunto, na seleção de genitores, auxiliando no desenvolvimento de progênies superiores via exploração da heterose ou da segregação transgressiva.

1. Compreensão do conceito de heterose e segregação transgressiva **(1.0 pt)**
2. Importância dos componentes na geração de progênies superiores tanto em alógamas quanto em autógamas **(1.0 pt)**