7

## FUNDAÇÃO UNIVERSIDADE DO ESTADO DE SANTA CATARINA – UDESC PROCESSO SELETIVO Nº 05/2022

Área do conhecimento: Melhoramento genético animal e Estatística

Prova escrita – Padrão de resposta

#### Questão 1.

A análise de regressão linear tem como objetivo principal quantificar a relação entre duas variáveis (dependente e independente). Para obter a reta estimada  $\hat{Y}$  é necessário estimar os parâmetros da equação (b0: intercepto e b1: coeficiente angular). A equação da regressão linear é dada por:  $y = \hat{b_o} + \hat{b_I}X$ . Os parâmetros da são estimados pela seguinte equação:

$$\hat{b_I} = \frac{\sum XY - \frac{\sum X \sum Y}{n}}{\sum X^2 - \frac{(\sum X)^2}{n}}$$

em que,  $\sum XY$ : somatório do produto entre X e Y;  $\sum X$ : Somatório de X;  $\sum Y$ : Somatório de Y,  $\sum X^2$ : somatório do quadrado de X e n: Número de observações.

$$\hat{b_0} = \overline{Y} - b_1 \overline{X},$$

em que  $\overline{Y}$ : média de Y e  $\overline{X}$ : Média de Y.

O intercepto estima o ponto em que a reta estimada corta o eixo Y quanto o valor de X é igual a zero. Este parâmetro pode ou não ter interpretação biológica e vai depender do estudo em questão. Já coeficiente angular (b1) mede a inclinação da reta e assim estima o quanto a variável independente (X) influência sobre a variável dependente (Y).

A análise de variância da regressão por meio do teste F tem como objetivo estimar a significância do modelo testado. As hipóteses testadas nesta análise são: H0:  $\hat{b_I} = 0$  (não há efeito de regressão linear de X sobre Y) e H1:  $\hat{b_I} \neq 0$  (há efeito de regressão linear de X sobre Y). Além disso, com base no somatório de quadrados da ANOVA, é possível estimar o coeficiente de determinação do modelo ( $R^2 = \frac{SQmodelo}{SQtotal} \times 100$ ) e avaliar o ajuste do modelo aos dados.

### Questão 2.

8

O BLUP, com o auxílio dos modelos mistos, possibilita estimar soluções simultâneas para efeitos fixos e aleatórios e assim estimar o valor genéticos de todos os animais da matriz de parentesco. Esta metodologia tem como vantagens:

- Cada animal apresenta a sua equação;
- Maximização da acurácia;
- Não apresenta vícios;
- Possibilita a comparação entre animais de diferentes rebanhos;
- Utilização de características geneticamente correlacionadas;
- Solução simultânea de um grande número de equações.

O modelo animal (o mais utilizado na avaliação genética) é dado pela seguinte equação: Y = Xb + Za + e, que Y: é um vetor para as n observações; X: é a matriz de incidência para efeitos fixos; Z: matriz de incidência para os efeitos aleatórios; b: é um vetor de soluções para os efeitos fixos; a: vetor de soluções para os efeitos aleatórios (*breeding values* ou valor genéticos) e e: vetor de soluções para os resíduos. Este modelo pode ser escrito também em forma matricial:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'Y \\ Z'Y \end{bmatrix}$$

em que, A: matriz de parentesco entre todos os animais avaliados e  $\alpha$ : é a razão entre a variância residual ( $s_e^2$ ) e a variância genética aditiva ( $s_a^2$ ), ou seja,  $\frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}$  =

$$1 - h^2 / h^2.$$

#### Questão 3.

A correlação genética pode ser definida como a probabilidade de dois ou mais caracteres serem afetados pelos mesmos genes (BRIQUET Jr., 1967). Indica o grau de associação genética entre duas características. As correlações genéticas podem ser positivas, negativas ou neutras.

rg positiva: quando se seleciona para aumentar a característica x e ocorre também um aumento de Y. Ex: a seleção para maior peso corporal em frangos de corte ocasiona aumento da gordura abdominal como resposta correlacionada.

rg negativa: quando se seleciona para aumentar a característica x e ocorre uma redução em Y. Ex.: a seleção para maior produção de leite reduz a quantidade de gordura no leite. A seleção para registro parcial de produção de ovos em poedeiras reduz a idade a maturidade sexual.

9

rg neutra: é quando não há correlação entre 2 características, ou seja, quando o efeito genético sobre uma característica é independente de outra (rg = 0). Se a característica "a" for selecionada, não haverá resposta correlacionada em "b".

As correlações genéticas podem ser causadas pelo desequilíbrio de ligação ou pleiotropia. O aluno deverá discorrer sobre elas também.

#### Questão 4

**R:** O candidato deverá definir herdabilidade, explicar a diferença entre herdabilidade no sentido amplo (H²) e no sentido restrito (h²), incluindo suas fórmulas. Deverá dar exemplos de características que apresentam baixa, alta e moderada h² e discorrer sobre suas implicações no melhoramento animal.

#### Questão 5

Genômica é a ciência que estuda a constituição genética dos indivíduos. Esta pode ser dividida em genômica estrutural e funcional.

A genômica estrutural visa identificar os genes e suas localizações nos cromossomos. Para tal existem metodologias de mapeamento de loci que controlam características quantitativas (QTL), como as características de produção. Antes do sequenciamento de nova geração as abordagens utilizadas eram de mapeamento de ligação utilizandose populações oriundas de cruzamentos de linhagens divergentes como o F2 ou ainda estudos pontuais de genes candidatos cujas funções eram conhecidas em outras espécies. Após o sequenciamento dos genomas foi possível a descoberta de milhares de marcadores de base única (SNPs). Esses SNPs foram então utilizados para compor painéis de média e alta densidade que hoje vem sendo comercializados permitindo a genotipagem para várias espécies. Com esses painéis é possível realizar o mapeamento de QTL pela metodologia de associação global do genoma (GWAS) de populações sem a necessidade de um delineamento específico. Esta metodologia tem permitido a identificação de vários genes que controlam características de interesse zootécnico nas diferentes espécies. Os painéis densos de SNPs também permitiram a implantação da Seleção Genômica (SG) nos programas de melhoramento. A SG permite estimar os valores genéticos genômicos (GEBVs) dos candidatos a seleção, possibilitando assim um maior ganho genético por geração de seleção quando comparado a seleção tradicional. O maior ganho pode ocorrer devido a maior acurácia na seleção ou pela redução do intervalo entre gerações. (aqui o candidato poderá discorrer mais sobre o assunto e colocar exemplos nas diferentes espécies. Poderá também falar mais sobre o sequenciamento completo do genoma).

Já a genômica funcional visa identificar os genes e suas funções. Para tal, utilizam-se estudos de expressão gênica que podem ser pontuais (genes candidatos avaliados por qPCR), em média (microarranjos de RNA) ou em grande escala (RNA-seq, exoma). Aqui o candidato poderá aprofundar seu conhecimento sobre o assunto, falando sobre vantagens e desvantagens de cada abordagem.

O conhecimento dos genes e suas funções contribui para o melhor entendimento do controle genético de características complexas. Assim, a contribuição da genômica na produção animal se dá principalmente pelo seu uso em programas de melhoramento genético, através da Seleção Assistida por Marcadores (MAS) e pela SG. Contudo, os conhecimentos gerados pela genômica permitem também sua contribuição na solução de vários outros problemas complexos da produção animal, como por exemplo, problemas metabólicos ou determinadas doenças, que poderão ser contornados por ajustes em diferentes áreas, como nutrição, manejo, ambiência e sanidade.



# Assinaturas do documento



Código para verificação: 77WT39TP

Este documento foi assinado digitalmente pelos seguintes signatários nas datas indicadas:



**DIOVANI PAIANO** (CPF: 024.XXX.269-XX) em 12/12/2022 às 14:22:15 Emitido por: "SGP-e", emitido em 30/03/2018 - 12:41:33 e válido até 30/03/2118 - 12:41:33. (Assinatura do sistema)

Para verificar a autenticidade desta cópia, acesse o link <a href="https://portal.sgpe.sea.sc.gov.br/portal-externo/conferencia-documento/VURFU0NfMTlwMjJfMDAwNTYxNzdfNTYyNjRfMjAyMl83N1dUMzlUUA=="">https://portal.sgpe.sea.sc.gov.br/portal-externo</a> e informe o processo UDESC 00056177/2022 e o código 77WT39TP ou aponte a câmera para o QR Code presente nesta página para realizar a conferência.