

## **WGD: Sistema de Visualização de Dados Genealógicos de Cultivares**

Diego Inácio Patricio<sup>1(\*)</sup>, Eduardo Caierão<sup>1</sup> e Ricardo Lima de Castro<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Trigo, Rodovia BR 285, Km 294, Caixa Postal 3081, CEP 99050-970  
Passo Fundo, RS. E-mail: diego.patricio@embrapa.br

O estudo de fatores relacionados com a herança genética possibilita o estabelecimento de relações entre cultivares, seus progenitores e sucessores. Esse tipo de estudo contribui para que programas de melhoramento genético possam estabelecer estratégias mais adequadas para a seleção de plantas. Nos últimos anos, tem aumentado o interesse por parte de pesquisadores envolvidos em programas de melhoramento genético por ferramentas para visualização de informações relacionadas à genealogia das cultivares e ao grau de relacionamento entre si, permitindo a melhor compreensão da origem de fontes de resistência a estresses bióticos e abióticos. Sistemas como o Helium (Shaw et al., 2014) e o VIPER (Paterson et al., 2012) auxiliam, por meio da análise da genealogia de genótipos, a escolha de cruzamentos e o processo de seleção, contribuindo para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético. Considerando este cenário, o objetivo desse trabalho é apresentar o sistema de informação WGD (Wheat Genealogy Data), que permite consultar a base de dados das cultivares de trigo indicadas para cultivo no Brasil, suas características, árvores genealógicas, e determinar os coeficientes de relação parental entre cultivares e seus respectivos progenitores. Esse sistema de informação tem como base o conjunto de cultivares de trigo lançadas no Brasil desde 1922 até 2014 (Sousa; Caierão, 2014), com atualização até 2018.

No melhoramento genético vegetal é comum o uso de cruzamentos simples, duplos, triplos e retrocruzados para a supressão ou promoção de determinada(s) característica(s) fenotípica(s). O registro preciso da sequência de cruzamentos no melhoramento genético é essencial para sua execução. O sistema WGD, a partir da entrada da genealogia de uma cultivar, reconstrói a

árvore de cruzamento, calcula o coeficiente parental entre as cultivares e o armazena para posterior consulta.

O coeficiente de relacionamento parental estima a contribuição média de cada progenitor na constituição genética da cultivar. Considera-se que, a cada cruzamento, os genitores feminino e masculino contribuam (cada um) com 50% da constituição genética da cultivar. Assim, são obtidas as estimativas de contribuição genética de todos os progenitores que participam da genealogia da cultivar.

A reconstrução da árvore genealógica possibilita o cálculo do relacionamento parental entre os indivíduos utilizados para a geração de uma nova cultivar e a representação gráfica desse relacionamento por meio de grafo acíclico orientado. Na especificação do modelo de dados, os nodos são aqueles que contêm as informações de ano de lançamento, local e genealogia (formato textual) para uma determinada cultivar com rótulo `cultivar`. O percentual do coeficiente de relacionamento parental calculado a partir da árvore genealógica é armazenado no próprio relacionamento entre um nodo pai e filho na propriedade `coeficiente_parental`. A este relacionamento atribui-se o rótulo de `genitor`. A instituição responsável pela obtenção da cultivar é representada por nodos cujo rótulo será o de `obtentor`. Por último, a relação entre a cultivar e a instituição criadora é identificada com o rótulo `obtido_por`. A estrutura de dados da cultivar BRS Parrudo é apresentada na Figura 1.

Ao utilizar o sistema, é possível, por exemplo, a partir da genealogia das cultivares BRS Guamirim e Embrapa 27, determinar qual o percentual do coeficiente de relação parental da cultivar Nyu Bai em relação à cultivar BRS Guamirim (Figura 2).

Programas de melhoramento genético demandam, em geral, ferramentas computacionais para avaliar as características genéticas dos indivíduos e estabelecer as estratégias de cruzamento entre eles. Este trabalho apresentou o sistema WGD, destinado a disponibilizar acesso à base de informações genealógicas de cultivares de trigo. A solução apresentada coloca à disposição do melhorista ferramentas que facilitam a visualização e a análise

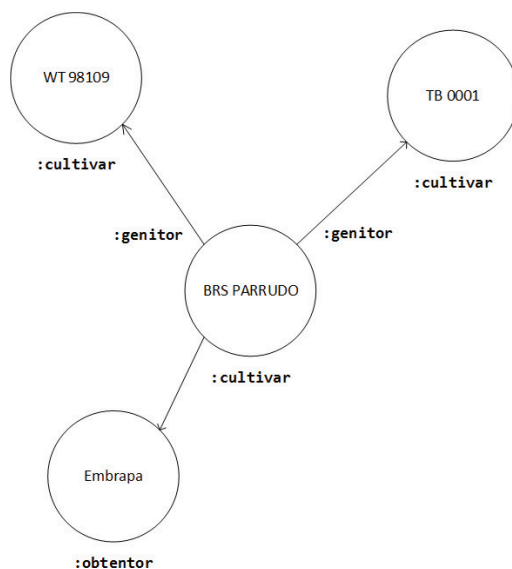
dos dados, reduzindo o tempo gasto em planejar as atividades dos programas de melhoramento genético vegetal.

## **Referências**

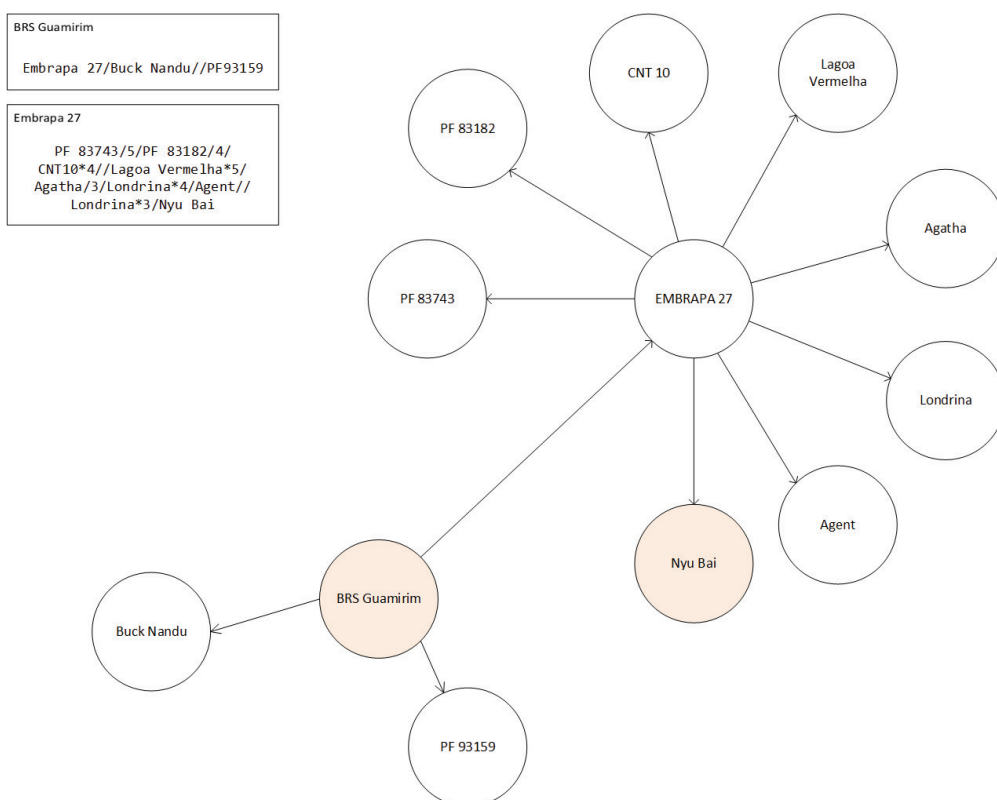
PATERSON, T.; GRAHAM, M.; KENNEDY, J.; LAW, A. Viper: a visualisation tool for exploring inheritance inconsistencies in genotyped pedigrees. *BMC Bioinformatics*, v. 13, Suppl. 8, S5, 2012. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1186/1471-2105-13-S8-S5>>. Acesso em: 15 jun. 2018

SHAW, P. D.; GRAHAM, M.; KENNEDY, J.; MILNE, I.; MARSHALL, D. F. Helium: visualization of large scale plant pedigrees. *BMC Bioinformatics*, v. 15, n. 1, p. 259, 2014. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1186/1471-2105-15-259>>. Acesso em: 15 jun. 2018

SOUSA, C. N. A. de; CAIERAO, E. Cultivares de trigo indicadas para cultivo no brasil e instituições criadoras 1922 a 2014. 2. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2014. 200 p.



**FIGURA 1.** Diagrama de representação da relação parental entre a cultivar de trigo BRS Parrudo e seus progenitores, utilizando-se o programa WGD. Embrapa Trigo, Passo Fundo, 2018.



**FIGURA 2.** Gráfico gerado a partir das cultivares de trigo BRS Guamirim e Embrapa 27, utilizando-se o programa WGD. Embrapa Trigo, Passo Fundo, 2018.