

## **PediTree: ferramenta de visualização de dados de *pedigree* para pesquisa e melhoramento de cevada**

Diego Inácio Patricio<sup>1</sup>, Valeria Carpentieri-Pipolo<sup>2</sup> e Tammy Aparecida Manabe Kiihl<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Analista de Sistemas, M.Sc. em Computação Aplicada, analista da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS; <sup>2</sup>Engenheira-agrônoma, Dra. em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS; <sup>3</sup>Engenheira-agrônoma, Dra. em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

**Resumo** – No melhoramento genético vegetal é utilizada grande diversidade de dados para a tomada de decisão quanto a escolha de genótipos com características favoráveis que serão incluídos no programa. Para que uma cultivar tenha sucesso, existem características morfológicas e fisiológicas chaves mínimas que devem ser mantidas, como por exemplo, rendimento, adaptação, qualidade e resistência a doenças e insetos. Ferramentas de bioinformática podem ser utilizadas para fazer uso dessas informações e fornecer formas de visualização agregadas, de modo facilitar sua análise. Um exemplo é a construção das árvores genealógicas das cultivares. O objetivo deste trabalho foi criar um sistema de informação que possibilite a visualização das informações genealógicas das cultivares de cevada recomendadas para cultivo no Brasil e seus respectivos coeficientes de parentesco dos progenitores que as deram origem. Essa ferramenta visa a facilitar o acesso dos pesquisadores às informações, potencializar a probabilidade de reunir em uma cultivar combinações gênicas favoráveis e contribuir para que os programas de melhoramento genético possam estabelecer estratégias mais adequadas para a seleção de plantas.

Termos para indexação: genealogia, melhoramento de plantas, *Hordeum vulgare*, dados genéticos.

### **Introdução**

Os efeitos das mudanças climáticas e a segurança alimentar são preocupações pertinentes e constantes em países como o Brasil. Ao contrário dos países desenvolvidos, países em desenvolvimento, cuja economia depende diretamente da agricultura, são mais vulneráveis às secas ou a outras variações climáticas que países desenvolvidos.

Tendo em vista esse contexto, o conhecimento e a possibilidade de exploração da variabilidade dos recursos genéticos de uma cultura permite ao melhorista potencializar a probabilidade de reunir, em uma cultivar, combinações gênicas favoráveis. Logo, características morfológicas e fisiológicas chaves mínimas, como por exemplo, rendimento, adaptação, qualidade e resistência a doenças e insetos, devem que ser mantidas com o intuito de garantir o sucesso de uma cultivar frente a mudanças ambientais.

A possibilidade de prever e visualizar a herança dos diferentes alelos, que determinam as características econômicas na criação de uma cultivar, facilita o trabalho nos programas de melhoramento. O conhecimento da herança genética possibilita o estabelecimento de relações entre cultivares, seus progenitores e sucessores. Esse tipo de informação contribui para que programas de melhoramento genético possam estabelecer estratégias mais adequadas para a seleção de plantas.

A utilização da bioinformática é uma prática frequente entre pesquisadores envolvidos em programas de melhoramento genético. Nos últimos anos, muitas ferramentas para visualização de informações relacionadas à genealogia das cultivares foram desenvolvidas para as mais diferentes áreas da genética (Lamacraft; Finlay, 1973; Paterson et al., 2012; Voorrips et al., 2012; Shaw et al., 2014).

Considerando este cenário, o objetivo desse trabalho é apresentar o sistema de informação denominado PediTree: uma ferramenta de visualização de dados de *pedigree* para pesquisa e melhoramento de cevada.

### Material e métodos

O sistema foi idealizado para ser utilizado em ambiente web, podendo ser acessado por meio de computadores do tipo desktop e por telefones celulares. Ainda, tem como base de dados o conjunto de cultivares de cevada lançadas no Brasil desde 1960 até 2018 (Brasil, 2019). Sendo assim, permite consultar a base de dados dessas cultivares, suas características e árvores genealógicas, e determinar os coeficientes de relação parental entre cultivares e seus respectivos progenitores.

No melhoramento genético de cevada, as combinações entre o *pool* gênico são realizadas através de cruzamentos simples, duplos, triplos e retrocruzamentos. Sendo assim, o registro preciso da sequência de cruzamentos no processo de desenvolvimento de uma cultivar é fundamental para obtenção de um resultado final de sucesso.

O sistema PediTree reconstrói a árvore genealógica a partir da entrada dos dados da genealogia de uma cultivar utilizando a notação do Sistema de Purdy (Purdy et al., 1968). Para uma cultivar A que tem como progenitor masculino B e progenitor feminino C, o sistema também irá considerar os parentais do progenitor B (digamos, D e E) e do progenitor C (F e G) e, assim, sucessivamente, tantas quantas forem as informações disponíveis do conjunto de dados. Segundo a notação de Purdy, o cruzamento é representado pela barra '/' ao invés de 'x'; logo,  $(A \times B) = (A/B)$ . Um segundo cruzamento é indicado apresentando duas barras (//) e, assim, cada cruzamento adicional é indicado colocando-se o número entre as barras (/n). O retrocruzamento é indicado por meio de asterisco (\*).

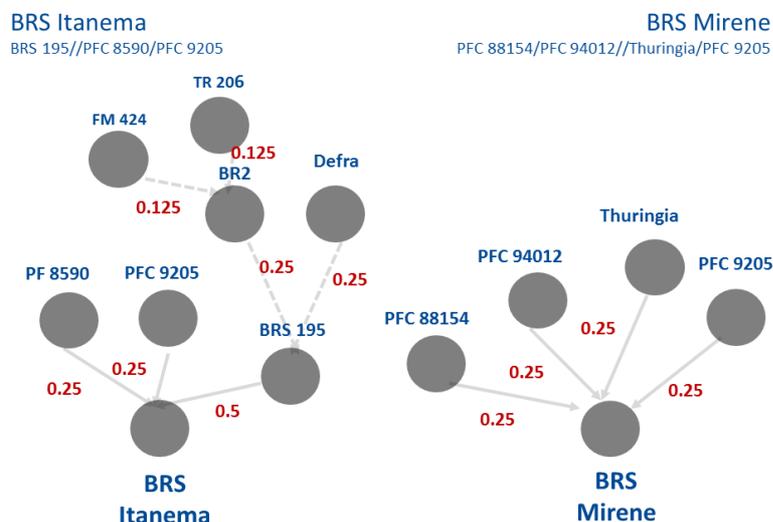
## Resultados e discussão

O sistema PediTree, a partir da entrada da genealogia de uma cultivar, reconstrói a árvore de cruzamento, calcula o coeficiente parental entre as cultivares e armazena esses dados para posterior utilização.

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. O percentual do coeficiente de relacionamento parental calculado a partir da árvore genealógica é armazenado no próprio relacionamento entre um nodo pai e um nodo filho.

A genealogia e o grafo ilustrativo, com as respectivas contribuições dos parentais das cultivares BRS Itanema e da BRS Mirene são apresentados na Figura 1.



**Figura 1.** Grafo ilustrativo com as respectivas contribuições dos parentais das cultivares de cevada BRS Itanema e BRS Mirene.

### Considerações finais

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 PediTree, destinado a disponibilizar acesso à base de informações genealógicas de cultivares de cevada. 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

- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Registro Nacional de Cultivares - RNC**. Brasília, DF, 2017. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/guia-de-servicos/registro-nacional-de-cultivares-rnc>>. Acesso em: 10 fev. 2019.
- LAMACRAFT, R. R.; FINLAY, K. W. A method for illustrating pedigrees of small grain varieties for computer processing. **Euphytica**, v. 2, n. 1, p. 56-60, 1973.
- PATERSON, T.; GRAHAM, M.; KENNEDY, J.; LAW A: VIPER: a visualisation tool for exploring inheritance inconsistencies in genotyped pedigrees. **BMC Bioinformatics**, v. 13, 2012. 16 p. Suppl. 8. Disponível em: <<https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/track/pdf/10.1186/1471-2105-13-S8-S5>>. Acesso em: 20 mar. 2019.
- PURDY, L. H.; LOEGERING, W. Q.; KONZAK, C. E.; PETERSON, C. J.; ALLAN, R. E. A proposed method for illustrating pedigrees of small grain varieties. **Crop Science**, v. 4, n. 8, p. 405-406, 1968.
- SHAW. P.; GRAHAM, M.; KENNEDY, J.; MILNE, I.; MARSHALL, D. F. Helium: visualization of large scale plant pedigrees. **BMC Bioinformatics**, v. 15, n. 259, 2014. 15 p. Disponível em: <<http://www.biomedcentral.com/1471-2105/15/259>>. Acesso em: 20 mar. 2019.
- VOORRIPS, R. E.; BINK, M. C. A. M.; VAN DE WEG, W. E. Pedimap: software for the visualization of genetic and phenotypic data in pedigrees. **Journal Heredity**, v. 103, n. 6, p. 903-907, 2012.