

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO

Seminário de tese

TÍTULO

O EFEITO DA GENOTIPAGEM SELETIVA SOBRE O MAPEAMENTO GENÉTICO E A DETECÇÃO DE QTL EM POPULAÇÕES F₂ SIMULADAS

PRELECIONISTA: Willian Silva Barros

ORIENTADOR: Prof. Cosme Damião Cruz - DBG/UFV

CONSELHEIROS: Prof. José Marcelo Soriano Viana - DBG/UFV

Prof. Pedro Crescêncio Souza Carneiro - DBG/UFV

DATA: 28/03/2007

RESUMO

A análise genética ao nível de DNA está se tornando cada vez mais eficiente. Com isso, grande quantidade de informações sobre genomas de plantas cultivadas está sendo gerada. No entanto, o principal desafio hoje refere-se à utilização deste conhecimento de forma integrada na prática efetiva do melhoramento genético de plantas (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1998). O mapeamento genético e de QTL contém um número considerável de estudos de natureza analítica. Porém, a determinação de genótipos de grande número de indivíduos para vários marcadores é uma limitação real, mesmo com a revolução causada pela introdução de técnicas baseadas em PCR “Polymerase Chain Reaction” (SEN et al., 2005). Então, são necessários estudos que envolvem estratégias experimentais como a genotipagem seletiva, pois permitem reduzir o número de indivíduos genotipados, mantendo-se dado poder de detecção do QTL (DARVASI & SOLLER, 1992). A simulação em computador tem sido utilizada para obtenção de propriedades e verificação do desempenho de modelos, métodos, tamanho e tipos de população no mapeamento genético e detecção de QTL (CRUZ, 2006). O objetivo do primeiro capítulo foi investigar, por meio de simulação, tomando como referência populações F₂ com 1.000 indivíduos em 36 cenários para características fenotípicas, a influência dos níveis de herdabilidade, da ação gênica e da saturação dos grupos de ligação no mapeamento genético e detecção do QTL. O objetivo do segundo capítulo foi investigar a influência da intensidade de seleção em amostras obtidas por genotipagem seletiva das populações F₂ simuladas no mapeamento genético e detecção do QTL. Para intensidade de seleção de 20% os resultados obtidos pela genotipagem seletiva foram comparados com outras estratégias experimentais de amostragem sistemática, mista e aleatória. Verificou-se no primeiro capítulo que o mapeamento genético em todas as 3.600 populações F₂ foi de acordo com o genoma simulado. Em relação à detecção de QTL, pode-se observar que níveis de herdabilidade de 20% e níveis de ação gênica de 5 e 10%, independente da saturação do grupo de ligação, são cenários que não permitem detectar facilmente o QTL. No segundo capítulo, quando a intensidade de seleção pela genotipagem seletiva foi de 10%, em muitos cenários, o mapa de ligação obtido foi diferente do esperado. Nas outras intensidades de seleção foi possível a recuperação do mapa de ligação como esperado, mesmo com distorções das marcas próxima ao QTL simulado. Quanto à detecção do QTL, os valores médios dos “LOD scores” nas populações 500, 300 e 200 indivíduos amostrados por genotipagem seletiva foram ligeiramente menores que os encontrados nas populações com 1.000 indivíduos. Os resultados obtidos das análises genômica em estratégias experimentais de amostragem mista e genotipagem seletiva foram bem satisfatórios. Eles mantiveram em média mapas de ligação próximos ao esperado, com alto poder de detecção de QTL em comparação com resultados obtidos em amostragem aleatória e sistemática.

REFERÊNCIA

DARVASI, A.; SOLLER, M. Selective genotyping for determination of linkage between a marker locus and a quantitative trait locus. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.85, n.2-3, p.353-359, 1992.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3.ed. Brasília: EMBRAPA/CENARGEM, 1998. 220p.

SEN, S.; SATAGOPAN, J.M.; CHURCHILL, G.A. Quantitative trait locus study design from an information perspective. **Genetics**, Bethesda, v.170, n.1, p.447-464, 2005.

CRUZ, E.M. Efeito da saturação e do tamanho de populações F_2 e de retrocruzamento sobre a acurácia do mapeamento genético. 2006. 119p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

Ciente, 

Prof. Cosme Damião Cruz
(Orientador)