



AULA PRÁTICA - PROGRAMA

MLTR: taxa de cruzamento com marcadores codominantes



Estimativa da taxa de cruzamento em plantas utilizando dados de progênies (famílias)

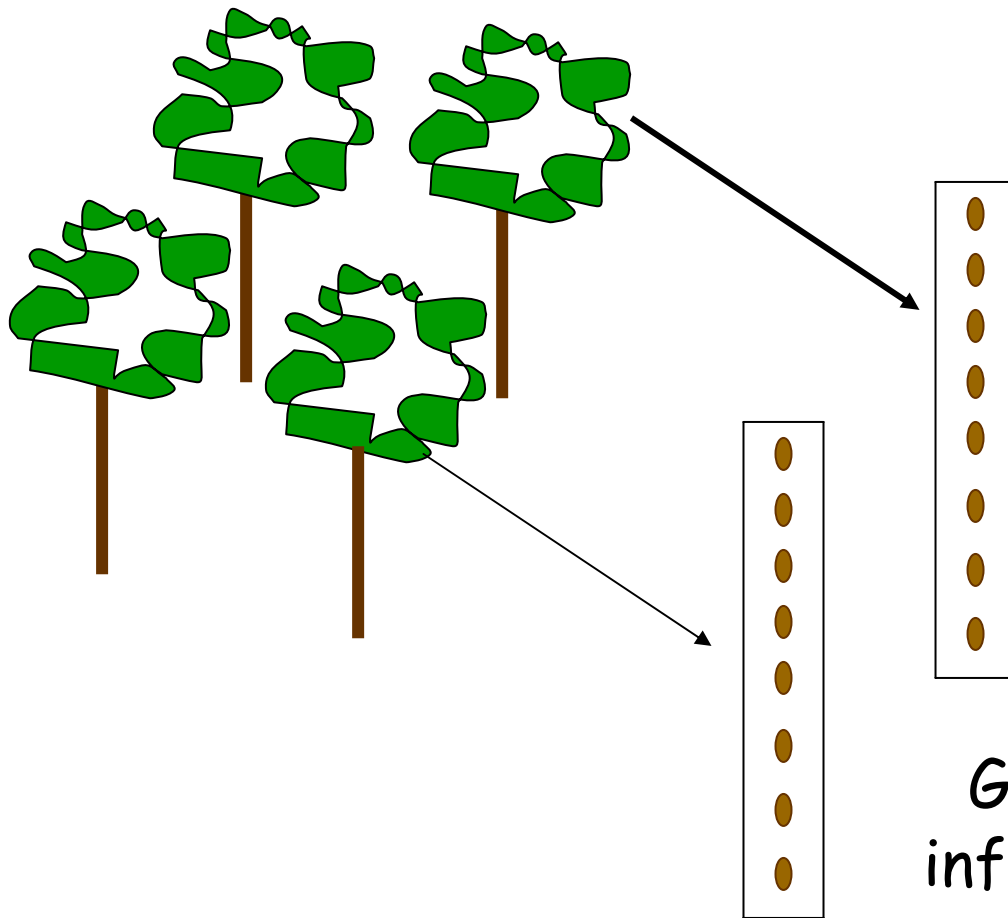
✓ MLTR (Multilocos Mating System Program)

Kermit Ritland
Dept. of Forest Sciences,
University of British Columbia,
Vancouver, BC
CA



<http://genetics.forestry.ubc.ca/ritland/programs.html>

✓ Dados de progênie:



Genotipagem das progênie
inferência do genótipo materno

✓ MLTR

MLTR win - Versão 3.0 (Maio 2004)

Versão para Windows do MLTR, porém mais completa. Calcula a taxa de cruzamento e parâmetros afins, com marcadores **DOMINANTES E CODOMINANTES**.

Utiliza dados de progênies e fornece o genótipo materno

Utiliza o método da máxima verossimilhança
algoritmo EM e NR

p calculado por EM (Expectation-Maximization)

t e F calculado via NR (Newton Raphson)

VERSÃO WINDOWS - permite escolha do algoritmo

✓ MLTR

t_m = taxa de cruzamento multilocos

t_s = taxa de cruzamento simples locos

$t_m - t_s$ = diferença das taxas de cruzamento (proporção de indivíduos aparentados)

F = índice de fixação de Wright da geração anterior (mães)

r_t = fração da variação de t entre progênies

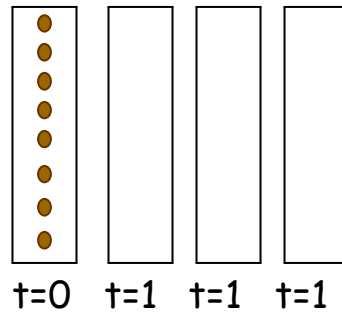
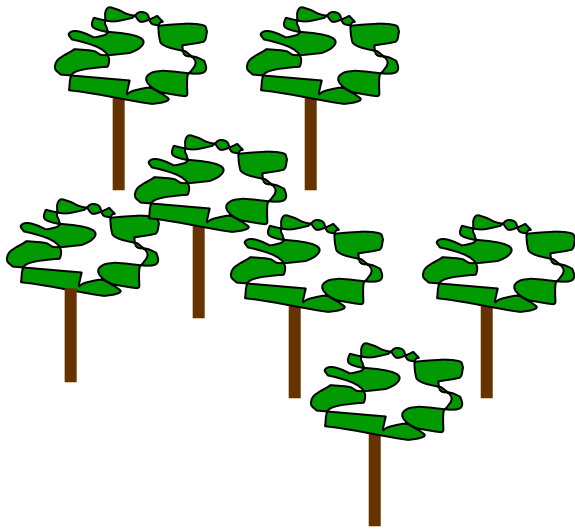
r_p = proporção de pares de indivíduos que são irmãos germanos dentro de um cruzamento

Inferência do genótipo materno

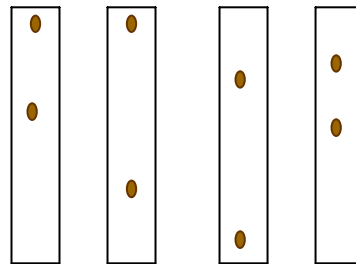
As variâncias dos estimadores são obtidas através do método de reamostragem - *bootstrap*.

✓ r_t :

variação da taxa de autofecundação das progênies



$$t_m = 0,75 \quad r_t = 1$$



$$t_m = 0,75 \quad r_t = 0$$

Não existe associação entre pares de indivíduos na autofecundação

$t=0,75$ $t=0,75$ $t=0,75$ $t=0,75$

✓ MLTR:

✓ Conjunto de dados *Eugenia dysenterica*

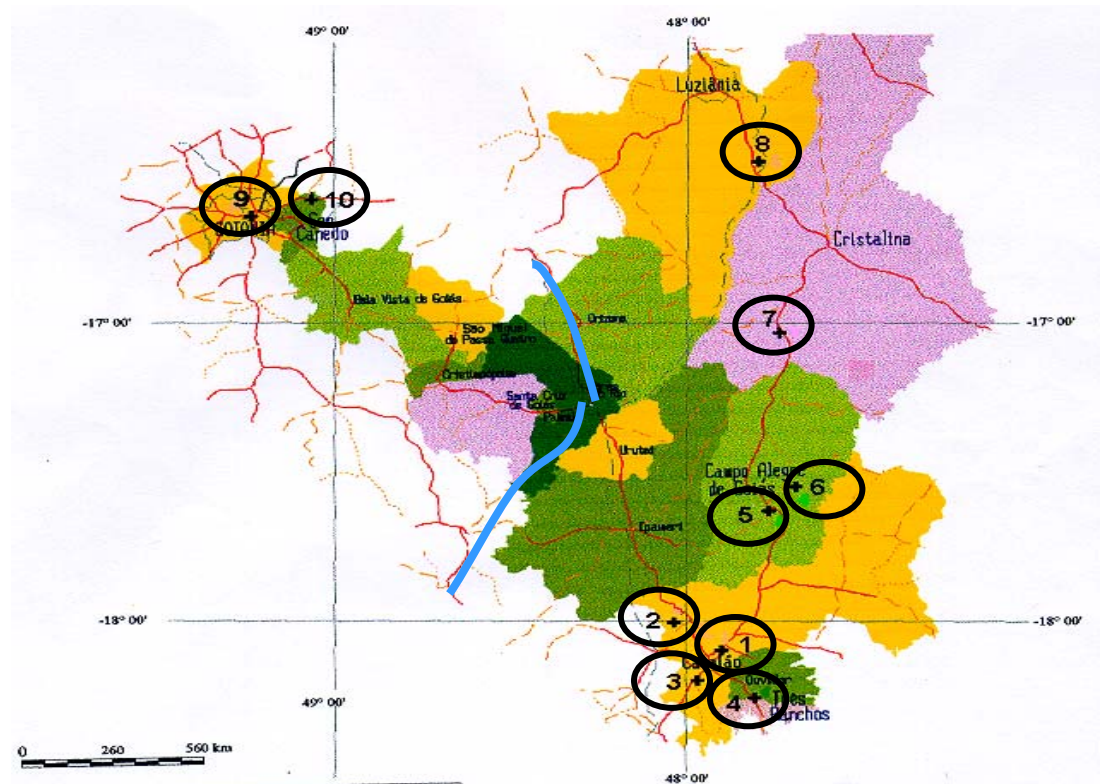
POPULAÇÃO 1

9 locos isoenzimáticos

12 famílias

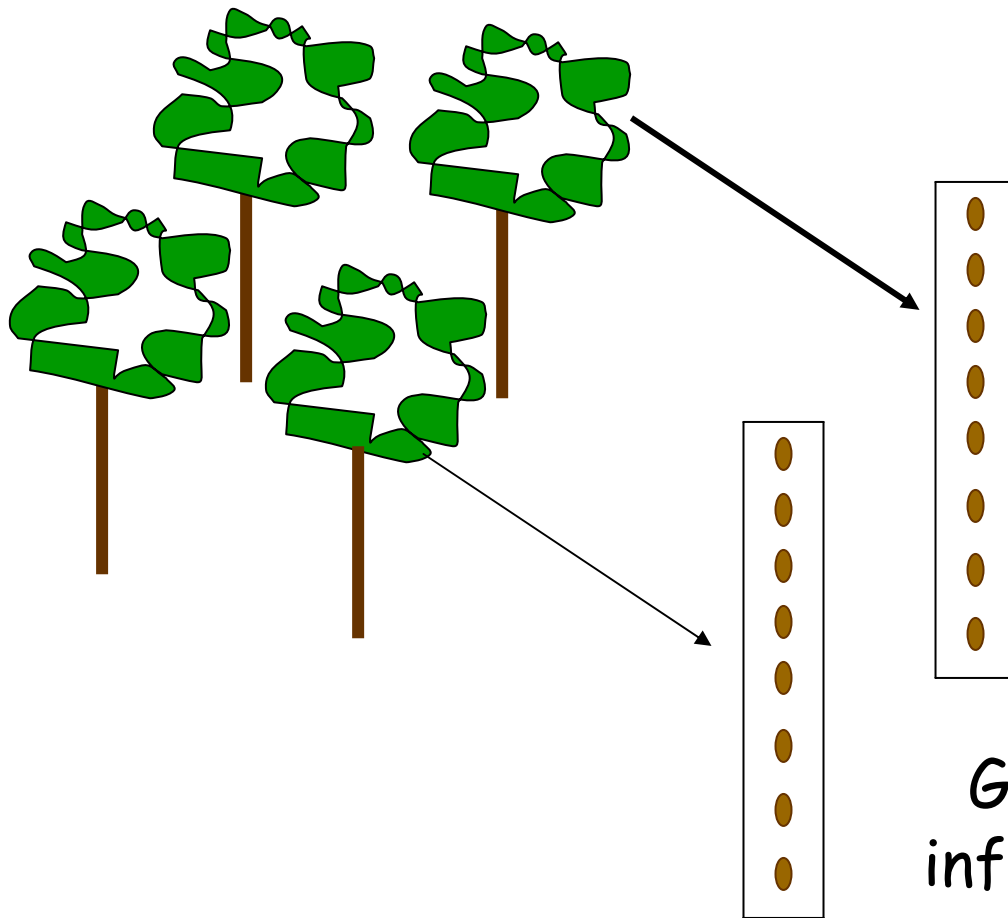
68 indivíduos

Telles, 2001



Municípios e localização das áreas de coleta de *E. dysenterica* DC na região Sudeste do Estado de Goiás.

✓ Dados de progênie:



Genotipagem das progênie
inferência do genótipo materno

Estimativa da taxa de cruzamento em plantas utilizando dados de progênies (famílias)

✓ MLTR (Multilocos Mating System Program)

Kermit Ritland
Dept. of Forest Sciences,
University of British Columbia,
Vancouver, BC
CA



mltr



CG_01
Arquivo RIT
7 KB



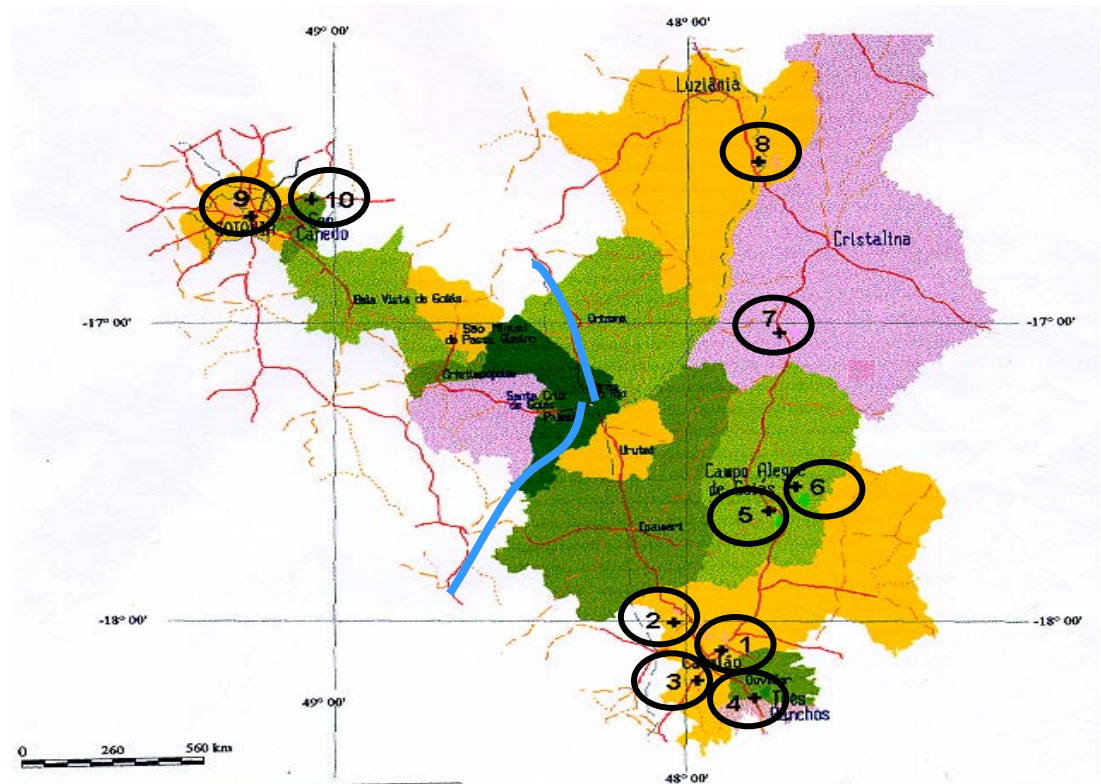
CG_01
Arquivo OUT
6 KB

<http://genetics.forestry.ubc.ca/ritland/programs.html>

✓ MLTR:

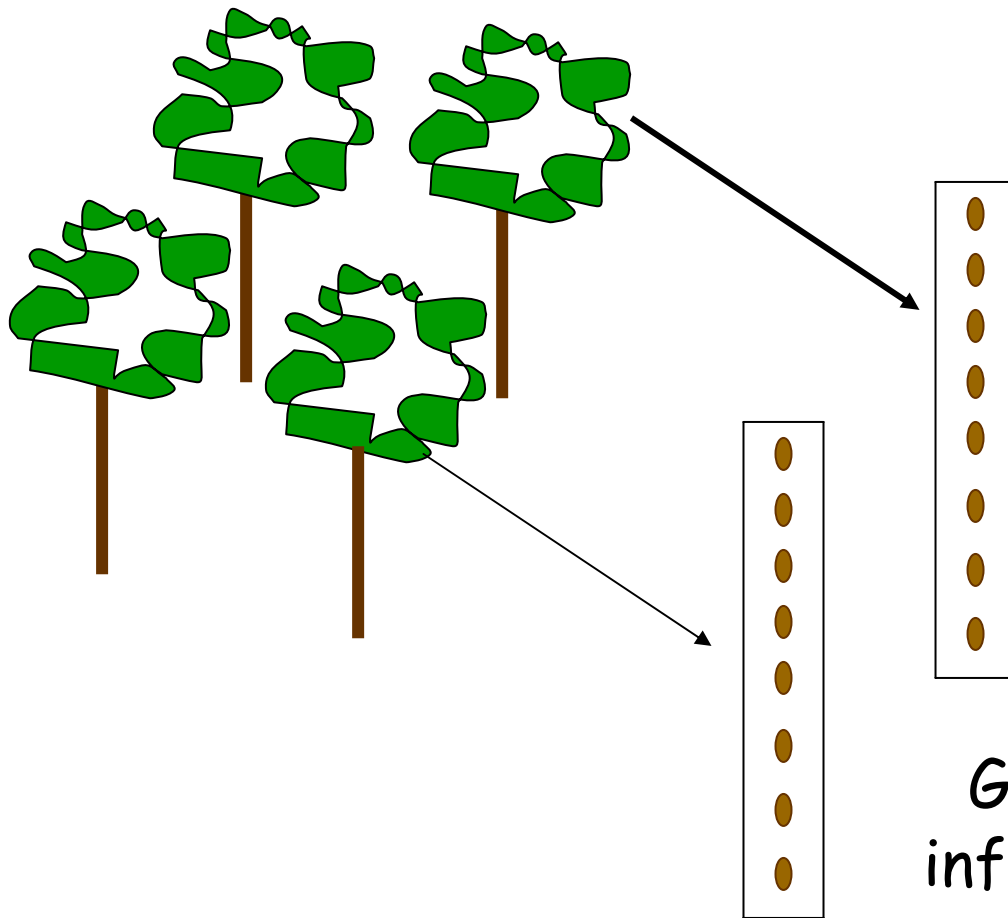
✓ Conjunto de dados *Eugenia dysenterica*

POPULAÇÃO 1, 2 e 3
9 locos isoenzimáticos
30 famílias
170 indivíduos
Telles, 2001



Municípios e localização das áreas de coleta de *E. dysenterica* DC na região Sudeste do Estado de Goiás.

✓ Dados de progênie:



Genotipagem das progênie
inferência do genótipo materno

Estimativa da taxa de cruzamento em plantas utilizando dados de progênies (famílias)

✓ MLTR (Multilocos Mating System Program)

Kermit Ritland
Dept. of Forest Sciences,
University of British Columbia,
Vancouver, BC
CA



mltr



CG03pop
Arquivo RIT
7 KB



CG03pop
Arquivo OUT
6 KB

<http://genetics.forestry.ubc.ca/ritland/programs.html>

Estimativa da taxa de fecundação cruzada em plantas



RITLAND, K. Extensions of models for the estimation of mating systems using n independent loci. *Heredity*, v. 88, p. 221-228, 2002.

RITLAND, K. A serie FORTRAN computer programs for estimating plant mating systems. *Journal of Heredity*, v.81, p. 235-237, 1990.

RITLAND, K. 1989 Correlated-mating in partial selfer, *Mimulus grattatus*. *Evolution*, v. 43, 848-859.

RITLAND, K.; JAIN, S. A model for the estimation of outcrossing rate and gene frequencies using n independent loci. *Heredity*, v. 47, p. 35-52, 1981.