

LGN5830 - Biometria de Marcadores Genéticos

Responsáveis: Antonio Augusto Franco Garcia e Roland Vencovsky
Departamento de Genética, ESALQ/USP
Segundo semestre de 2007

Análises Multiponto. Funções de Mapeamento. Introdução ao MAPMAKER/EXP.

3 MAPMAKER/EXP

3.1 O conjunto de dados rice.raw (ver página na internet) refere-se a uma população de RIL's de arroz que foi genotipada com marcador RFLP.

1. Com base no arquivo de dados, mostre quantos indivíduos e marcadores foram utilizados. Todos os locos tiveram segregação codominante?
 2. O MAPMAKER/EXP não possui opção para analisar RIL's diretamente, mas isso pode ser feito usando um artifício (indicado no arquivo). Explique como isso é possível.
 3. Analise esses dados como se fosse de sua responsabilidade produzir o mapa e apresentá-lo em uma publicação científica. Use o exercício como um pretexto para rever e resumir todos os tópicos apresentados em aula sobre construção de mapas de ligação.
- Obs: esse exercício com o MAPMAKER/EXP pode ser feito em grupos com no máximo 4 pessoas.

1 ANÁLISES MULTIPONTO

1.1 Discuta argumentos biológicos que justifiquem o emprego de análises multiponto. Na sua opinião, as análises baseadas em Cadeias de Markov usam pressuposições que se aproximam das situações reais? Justifique.

2 FUNÇÕES DE MAPEAMENTO

2.1 Uma das razões para usar funções de mapeamento é que as frações de recombinação entre os locos ordenados não são aditivas, ou seja, não é possível somar diretamente os valores de r para obter p . ex. o comprimento total do mapa. Por exemplo, assumindo ausência de interferência para 3 locos A , B e C ordenados, $r_{AC} = r_{AB} + r_{BC} - 2r_{AB}r_{BC}$.

1. Prove que a igualdade acima é verdadeira caso seja aplicada a função de Haldane. Em outras palavras, mostre que $m_{AC} = m_{AB} + m_{BC}$.
2. Compare as funções de Haldane e Kosambi quanto as pressuposições que as mesmas utilizam (do ponto de vista biológico).

4 BIBLIOGRAFIA

1. Lander, E.S.; Green, P. Construction of multilocus genetic linkage maps in human. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84: 2363-2367, 1987.
O artigo seminal sobre estimativas multiponto usando Cadeias de Markov.
2. Mollinari, M. 2007. Aplicação das Cadeias de Markov na Genética. Seminários do Departamento de Genética da ESALQ/USP.
Excelente material sobre as Cadeias de Markov.

3. Rabiner, L.R.A. Tutorial on hidden markov models and selected applications in speech recognition. 1989. Proc. of IEEE v. 77 n.2
Apresenta detalhes técnicos sobre as Cadeias de Markov e os HMM's. É citado em muitas das publicações usando HMM.
4. Crow, J.F. 1990. Mapping Functions. Genetics 125: 669-671.
Apresentado no item "Perspectives - Anecdotal, Historical and Critical Commentaries on Genetics", mostra uma revisão sobre o problema da correta definição das funções de mapeamento.
5. Lander, E.; Green, P.; Abrahamson, A.; Barlow, M.J.; Daly, S.E.; Lincoln, S.E.; Newburg, L. MAPMAKER: An interactive computer package for constructing primary genetic linkage maps of experimental and natural populations. Genomics 1: 174-181, 1987.
Artigo que apresenta o MAPMAKER/EXP.
6. Lincoln, S.E.; Daly, M.J.; Lander, E.S. MAPMAKER/EXP 3.0 - A Tutorial and Reference Manual. 1993.
Manual e tutorial sobre o MAPMAKER/EXP.
Para leitura online, acesse
<http://linkage.rockefeller.edu/soft/mapmaker/>
Para download:
http://www.genome.mit.edu/genome_software