

LGN5830 - Biometria de Marcadores Genéticos

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

Construção de Mapas Genéticos em Populações F_1 Segregantes.

1 ASPECTOS BIOLÓGICOS

1.1 Discuta as razões biológicas que impedem e/ou dificultam a obtenção de linhagens endogâmicas em algumas espécies vegetais. Dê exemplos de pelo menos 5 espécies que apresentam essas dificuldades.

2 PSEUDO-TESTCROSS

2.1 Indique um artigo que utilizou a estratégia de pseudo-testcross para construção do mapa genético.

2.2 Dê sua opinião pessoal sobre a construção de dois mapas separados vs construção de mapa integrado.

3 SOFTWARE ONEMAP

3.1 Leia o artigo de Margarido et al. (2007) citado abaixo. Apresente um resumo de um parágrafo sobre o mesmo.

3.2 Considere o arquivo de dados F1.txt disponível na página do curso. Trata-se de uma simulação.

1. Analise os dados usando o OneMap, justificando e detalhando todos os passos empregados. Use o exercício como um pretexto para estudar a construção de mapas genéticos.

2. Apresente críticas, sugestões e correções de erro sobre o referido software. Em outras palavras, ajude-nos!

- Obs: esse exercício com o OneMap pode ser feito em grupos com no máximo 4 pessoas.

4 BIBLIOGRAFIA

1. Grattapaglia, D.; Sederoff, R. Genetic Linkage Maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* Using a Pseudo-Testcross: Mapping Strategy and RAPD Markers. *Genetics*. 137: 1121-1137, 1994.

Artigo que apresenta a estratégia de pseudo-testcross. É citado em praticamente todas as publicações sobre mapas em F_1 's segregantes.

2. Maliepaard, C.; Jansen, J.; Van Ooijen J.W. Linkage analysis in a full-sib family of an outbreeding plant species: overview and consequences for applications. *Genet. Res.* 70: 237-250, 1997.

Discussão sobre os problemas e particularidades da construção de mapas em populações F_1 segregantes. Muitas de suas idéias foram implementadas no JoinMap.

3. Wu, R.; Ma, C-X.; Painter, I.; Zeng. Z-B. Simultaneous Maximum Likelihood Estimation of Linkage and Linkage Phases in Outcrossing Species. *Theoretical Population Biology* 61: 349-363, 2002.

Apresenta o método para estimação simultânea da fração de recombinação e fase de ligação. Sua leitura é recomendada, apesar de ser um artigo relativamente complexo.

4. Garcia, A.A.F.; Kido, E.A.; Meza, A.N.; Souza, H.M.B.; Pinto, L.R.; Pastina, M.M.; Laite, C.S.; da Silva J.A.G.; Ulian, E.C.; Figueira, A.V.; Souza, A. P. Development of an integrated genetic map of a sugarcane (*Saccharum* spp.) commercial cross, based on a maximum-likelihood approach for estimation of linkage

and linkage phases. Theor. Appl. Genet. 112: 298-314, 2006.

5. Oliveira, K.M.; Pinto L.R.; Marconi T.C.; Margarido G.R.A.; Pastina M.M.; Teixeira L.H.M.; Figueira A.V., Ulian E.C.; Garcia A.A.F., Souza, A.P. Functional integrated genetic linkage map based on EST-markers for a sugarcane (*Saccharum* spp.) commercial cross. Mol. Breed. 20: 189-208, 2007.

Os dois últimos artigos apresentam exemplos de aplicação do método de Wu et al. em dados reais de cana-de-açúcar.

6. Margarido, G.R.A.; Souza, A.P.; Garcia, A.A.F. OneMap: software for genetic mapping in outcrossing species. Hereditas. 144: 78-79, 2007.

Apresenta o software OneMap, que constrói mapas em populações F_1 segregantes.