

NOME: ALISSON AUGUSTO SANTOS

TÍTULO: EFICIÊNCIA DO TAMANHO DE POPULAÇÕES F2 NA ANÁLISE DE QTL

AUTORES: ELIEL ALVES FERREIRA, ALISSON AUGUSTO SANTOS, ÁLISSON AUGUSTO SANTOS, THAYANE LEONEL ALVES, RITA DE CASSIA RIBEIRO CARVALHO, ELIEL ALVES FERREIRA

AGÊNCIA FINANCIADORA (se houver): CNPq

PALAVRA CHAVE: MELHORAMENTO VEGETAL, GENOMA, GENES, QTL, POPULAÇÃO F2

RESUMO

A eficiência do melhoramento é aumentada com a utilização de mapeamento genético, uma vez que marcas no genoma podem ser associadas a um ou mais genes controladores de uma característica, podendo ser qualitativa ou quantitativa. Sabendo a localização do gene ou QTL (Quantitative Trait Locus) de interesse, pode-se transferir esta região para os descendentes. Dessa forma, o trabalho de melhoramento poderá ser otimizado, tornando o programa de melhoramento mais eficiente. Assim, o objetivo da pesquisa é determinar, em populações F2, o melhor tamanho populacional para a detecção, posicionamento, contribuição e efeitos do QTL. Para isto foram utilizados 4 tamanhos de populações hipotéticas (simuladas) com o intuito de fornecer subsídios a futuros trabalhos com populações reais, tanto animal quanto vegetal. Os dados foram gerados utilizando o modo de simulação do aplicativo computacional GQMOL. Foram simulados genomas parentais e amostras de populações F2. As amostras formadas foram de 4 tamanhos diferentes: 700, 800, 900 e 1000 indivíduos. Para cada tamanho populacional foram simuladas 20 repetições com as mesmas características. O genoma dessas populações foi simulado tomando como referência uma espécie fictícia diploide com $2n = 2x = 10$ cromossomos, composto de cinco grupos de ligação (GL). Cada grupo de ligação formado possuirá tamanho de 100 cM, contendo 21 marcadores codominantes com distância de 5 cM, equidistantes, em cada intervalo. Assim, concluiu-se que os tamanhos de população de 700, 800, 900 e 1000 indivíduos são eficientes para detectar QTL e para estimar parâmetros de médias, efeitos aditivos, efeitos de dominância e de ação gênica para os QTLs que explicam até 20% da característica fenotípica. Concluiu-se também que os tamanhos de populações de 800 indivíduos ou superiores são eficientes para estimar as médias, efeitos aditivos, efeitos devido ao desvio de dominância e de ação gênica para QTL que explica 10% da variação fenotípica.