

EFICIÊNCIA DOS DELINEAMENTOS DE MEIO-IRMÃS E DE NETAS DE MEIO-IRMÃOS PARA DETECTAR LIGAÇÃO ENTRE MARCADOR E LOCUS DE CARACTERÍSTICA QUANTITATIVA (QTL)¹

MARTINEZ, M.L.²

¹ EMBRAPA e CNPq.

² Pesquisador. Rua Eugênio do Nascimento, 610 - D. Bosco - Juiz de Fora / MG. E-mail: martinez@cnpq.embrapa.br

RESUMO: Foram simulados estruturas de famílias com diferentes números de descendentes objetivando avaliar a eficiência para se detectar ligação entre marcador genético e locus de característica quantitativa. Os delineamentos foram os de meio-irmãs (HS) e netas de meio-irmãos (PHS) paternos. Os resultados mostraram que o aumento do tamanho das famílias influencia mais a eficiência do que o número de famílias. A eficiência para se detectar ligação foi também mais afetada pelo efeito da substituição de alelos do que pela herdabilidade da característica. Para um mesmo número de genótipo, o delineamento PHS foi mais eficiente do que o HS.

PALAVRAS-CHAVES: Ligação, marcadores genéticos, QTL.

POWER OF THE DAUGHTER AND GRANDDAUGHTER DESIGNS TO DETECT QTL

ABSTRACT: Data for the daughter and granddaughter designs were simulated to calculate power to detect linkage between genetic marker - QTL. Results shown that family size was more important to increase power than number of families. Power was also most affected by allele substitution than by heritability of the trait. In all situations with the same number of genotype, the granddaughter design gave more power than the daughter design.

KEYWORDS: Daughter design, genetic markers, granddaughter design, linkage, QTL.

INTRODUÇÃO

Diversos delineamentos têm sido utilizados para se detectar ligação entre marcadores genéticos e QTL (por ex. SOLLER et al., 1976; SOLLER e GENEZI, 1978). SOLLER et al. (1976) discutiram a potência dos delineamentos experimentais quando se utiliza animais F2 resultantes do cruzamento de F1 provenientes de duas linhagens consanguíneas e quando os animais são resultantes do retrocruzamento de F1 com uma das linhas consanguíneas. Eles concluíram que o número de indivíduos medidos genética e fenotipicamente pode variar de cerca de 525 a 8400, dependendo do delineamento (F2 ou retrocruzamento), efeito gênico, dominância do QTL e taxa de recombinação entre marcador e QTL. Em geral o delineamento F2 é mais eficiente quando não há dominância nos locus do QTL ou quando o alelo recessivo do QTL está completamente ligado ao alelo dominante do marcador.

O objetivo principal deste trabalho foi verificar a eficiência dos delineamentos de meio-irmãs e netas de meio-irmãos em detectar ligação entre marcador e QTL.

MATERIAL E MÉTODOS

A) Delineamento de meio-irmãs (HS):

O uso de marcadores genéticos para mapear QTL está baseado na expectativa de que se um indivíduo é heterozigoto para o marcador e QTL, e estes estando ligados, uma progênie que receber um determinado alelo do marcador, também receberá o alelo do QTL que a ele estiver ligado. Assim se as progênies forem agrupadas de acordo com o alelo marcador que receberam do pai heterozigoto, a presença de alelos alternativos do QTL pode promover uma diferença na média da característica dos dois grupos da progênie, e uma diferença significativa entre estas médias é uma indicação de que o marcador e o QTL estão ligados.

B) Delineamento netas de meio-irmãos (PHS):

Uma análise alternativa pode ser realizada obtendo-se o genótipo dos filhos (machos) de um touro heterozigoto para o marcador e avaliar nas netas a característica de interesse. Para efeito de uniformidade, o touro heterozigoto é neste delineamento o avô e seus filhos, os touros, e as filhas destes touros, as netas. Daí o termo netas de meio-irmãos.

C) Cálculo da eficiência:

A eficiência dos dois delineamentos foi analisada usando a metodologia do qui-quadrado, proposta por GELDERMANN (1975). As estimativas da eficiência foram calculadas considerando apenas dois alelos no QTL, ligação entre QTL-marcador, grupos de progênies de mesmo tamanho e variância do QTL desprezível segundo metodologia de WELLER et al. (1990). Os dados para se testar a eficiência destes delineamentos foram simulados considerando-se diferentes combinações de: efeito de substituição de alelos $A = 0,1, 0,2$ e $0,3$, $h^2 = 0,1, 0,2$ e $0,5$. No delineamento de netas de meio-irmãos, considerou-se $NGS = 5$ e 10 ; $NS = 20, 40$ e 100 ; e $NG = 25, 50$ e 100 . No delineamento de meio-irmãs $NS = 20, 40$ e 100 ; e $ND = 25, 50$ e 100 .

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados do delineamento de netas de meio-irmão, são mostrados no Quadro 1, considerando-se diferentes herdabilidades e, efeito da substituição de alelos, para um erro do tipo 1 de 1%. Pode-se observar no Quadro 1 que o número de indivíduos em uma família (NS) afeta a eficiência muito mais do que o número de famílias (NGS), ou seja, quando a capacidade de realizar análise genética é limitada a um determinado número é melhor ter famílias maiores do que muitas famílias com poucos indivíduos. Por ex., Para $h^2 = 0,1$ e $A = 0,2$, a eficiência é (37% com 100 netas) maior quando se tem 5 famílias (avós) com 40 touros cada do que (26%) quando se tem 20 touros. O efeito da substituição de alelos afeta muito mais a eficiência que a herdabilidade da característica. Observa-se que para eficiência de cerca de 95% para se detectar ligação são necessárias 5 famílias (avós) com 100 filhos (touros), cada um com 100 filhas se o efeito de substituição é $0,3$ ($P = 94\%$). Mas, se $A = 0,2$ são necessários o dobro de famílias com o mesmo número de filhas e netas ($P = 96\%$). O efeito de

substituição afeta a eficiência delineamento HS da mesma forma que afeta o delineamento PHS (Quadro 2). Observa-se que se o efeito de substituição de alelos é pequeno ($A = 0,1$), a eficiência para se detectar ligação é muito baixa (8 a 9%), mesmo com 100 touros com 100 filhas cada um. Sob estas condições para se obter uma eficiência de 95% é necessário se analisar cerca de 40.000 filhas.

CONCLUSÕES

1. O delineamento de netas de meio-irmãos é mais eficiente do que o de meio-irmãs para se detectar ligação.
2. O efeito da substituição gênica afeta ambos os delineamentos independentemente da herdabilidade da característica.
3. O efeito de substituição gênica é mais importante do que a herdabilidade da característica.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. GELDERMANN, H. Investigations on inheritance of quantitative characters in animals by gene markers. I. **Methods. Theor. Appl. Genet.** Berlin, V.46, p.319-330, 1975.
2. SOLLER, M., T. BRODY, and A. GENEZI. On the power of experiments to detect marker-linked quantitative effects in crosses between inbred lines. **Theor. Appl. Genet.** Berlin, V.47, p.47-39, 1976.
3. SOLLER, M., and A. GENEZI. The efficiency of experimental designs for the detection of linkage between a marker locus and a locus affecting a quantitative trait in segregating populations. **Biometrics**, Alexandria, V.42, p.47-55, 1978.
4. WELLER, J. I., M. SOLLER, and Y. KASHI. Power of daughter and granddaughter designs for determining linkage between marker loci and quantitative trait loci in dairy cattle. **J. Dairy Sci.**, Champaign, V.73, p.2525-2532, 1990.

QUADRO 1 - Eficiência do delineamento(a) de netas de meio-irmãos para detectar ligações entre um marcador genético e um locus de uma característica quantitativa.

| Número de | | | Probabilidade (% de detecção) | | | | | | | | |
|------------|-------------------|-----------------------|-------------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| avós (NGS) | tous por avó (NS) | filhas por touro (ND) | Herdabilidade | | | | | | | | |
| | | | 0,1 | | | 0,2 | | | 0,5 | | |
| | | | A:0,1 | 0,2 | 0,3 | 0,1 | 0,2 | 0,3 | 0,1 | 0,2 | 0,3 |
| | | 25 | 2 | 6 | 17 | 2 | 4 | 12 | 1 | 3 | 6 |
| | 20 | 50 | 2 | 10 | 30 | 2 | 6 | 18 | 1 | 3 | 7 |
| | | 100 | 3 | 15 | 43 | 2 | 7 | 23 | 1 | 3 | 8 |
| | | 25 | 3 | 14 | 42 | 2 | 10 | 30 | 2 | 5 | 15 |
| | 40 | 50 | 4 | 26 | 62 | 3 | 15 | 43 | 2 | 6 | 18 |
| | 5 | 100 | 6 | 37 | 75 | 3 | 19 | 52 | 2 | 7 | 20 |
| | | 25 | 8 | 47 | 82 | 5 | 35 | 73 | 3 | 17 | 48 |
| | 100 | 50 | 13 | 67 | 91 | 8 | 48 | 83 | 4 | 21 | 55 |
| | | 100 | 20 | 79 | 94 | 10 | 57 | 87 | 4 | 23 | 59 |
| | | 25 | 2 | 9 | 30 | 2 | 6 | 20 | 1 | 3 | 9 |
| | 20 | 50 | 3 | 17 | 51 | 2 | 9 | 31 | 1 | 4 | 11 |
| | | 100 | 4 | 26 | 68 | 2 | 12 | 40 | 2 | 4 | 13 |
| | 10 | 25 | 4 | 25 | 68 | 3 | 17 | 52 | 2 | 8 | 26 |
| | | 40 | 6 | 45 | 87 | 4 | 26 | 69 | 2 | 9 | 32 |
| | | 100 | 9 | 62 | 94 | 5 | 34 | 78 | 2 | 11 | 36 |
| | | 25 | 12 | 73 | 97 | 8 | 58 | 96 | 4 | 30 | 74 |
| | 100 | 50 | 23 | 90 | 99 | 13 | 74 | 97 | 5 | 37 | 81 |
| | | 100 | 36 | 96 | 99 | 17 | 83 | 98 | 6 | 41 | 84 |

a. Considerando taxa de recombinação igual a zero; A em unidade de desvio padrão fenotípico; frequência de alelos igual a 0.5.

QUADRO 2 - Eficiência do delineamento(a) de meio-irmãs para detectar ligações entre um marcador genético e um locus de uma característica quantitativa.

| Número de | | | Probabilidade (% de detecção) | | | | | | | | |
|-----------|-----------------------|-----|-------------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| tous (NS) | filhas por touro (ND) | | Herdabilidade | | | | | | | | |
| | | | 0,1 | | | 0,2 | | | 0,5 | | |
| | | | A:0,1 | 0,2 | 0,3 | 0,1 | 0,2 | 0,3 | 0,1 | 0,2 | 0,3 |
| | | 25 | 1 | 3 | 8 | 1 | 3 | 8 | 1 | 3 | 9 |
| | 20 | 50 | 2 | 7 | 24 | 2 | 7 | 25 | 2 | 8 | 29 |
| | | 100 | 3 | 20 | 66 | 3 | 21 | 68 | 3 | 24 | 74 |
| | | 25 | 1 | 4 | 14 | 1 | 4 | 15 | 1 | 5 | 17 |
| | 40 | 50 | 2 | 11 | 45 | 2 | 12 | 47 | 2 | 14 | 54 |
| | | 100 | 4 | 38 | 92 | 4 | 39 | 93 | 5 | 45 | 96 |
| | | 25 | 2 | 8 | 33 | 2 | 8 | 35 | 2 | 9 | 40 |
| | 100 | 50 | 3 | 27 | 86 | 3 | 28 | 87 | 4 | 33 | 91 |
| | | 100 | 8 | 77 | 99 | 8 | 79 | 99 | 9 | 85 | 99 |

a. Considerando taxa de recombinação igual a zero; A em unidade, de desvio padrão fenotípico; frequência de alelos igual a 0.5.