



# Construção de Mapas Genéticos, Mapeamento de QTLs e Aplicações no Melhoramento de Plantas

*Departamento de Genética  
Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"  
Universidade de São Paulo*

Cristiane Hayumi Taniguti

Orientador: Antonio Augusto Franco Garcia



# Sumário

- Introdução
- Construção de Mapas Genéticos
- Princípios de Mapeamento de QTLs
- Comparação com Mapeamento Associativo (GWAS)
- Recomendações
- Referências



# Mendel

1865

- ▶ Segregação independente
- ▶ Proporções 3:1, 1:2:1

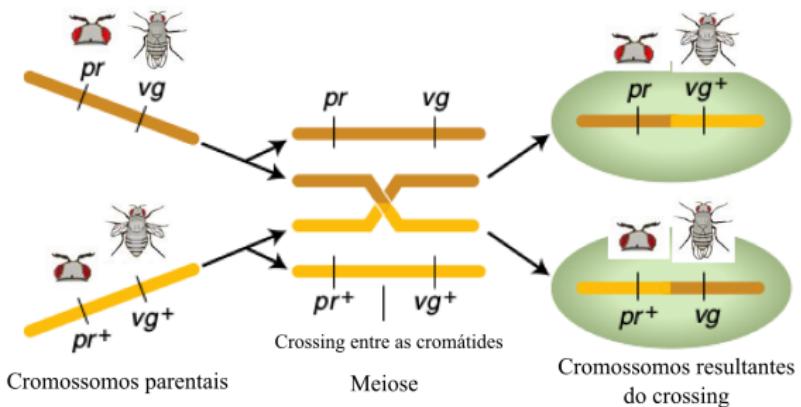
	Forma da vagem	Cor da vagem	Forma da semente	Cor da semente	Cor da casca	Posição das flores	Altura da planta
Recessivo							
Dominante							



# Mapa de Morgan e Sturtevant

1913

- Dois locos ligados
- Distância proporcional ao número de recombinações





# Marcadores Genéticos

## ► Marcadores morfológicos

- ▶ Raros
- ▶ Sofrem forte influência ambiental

## ► Marcadores moleculares

- ▶ Abundantes
- ▶ Sofrem pouca influência ambiental
- ▶ Exigem esforço em bancada

## ► Marcadores moleculares provindos de tecnologias de sequenciamento

- ▶ Mais Abundantes ainda
- ▶ Sofrem pouca influência ambiental
- ▶ Facilidade de obtenção
- ▶ Exigem esforço computacional



# Marcadores Genéticos

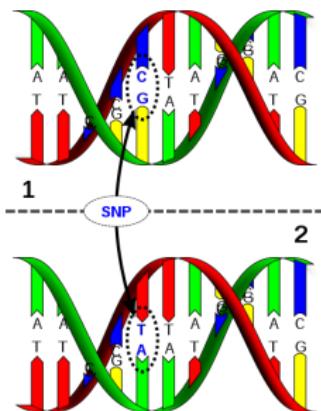
## Single-Nucleotide Polymorphism

### ► Vantagens

- Abundância
- Custo
- Automatização

### ► Desvantagens

- Baixa informatividade (F1 segregante, poliplóides)
- Erros na chamada de SNPs





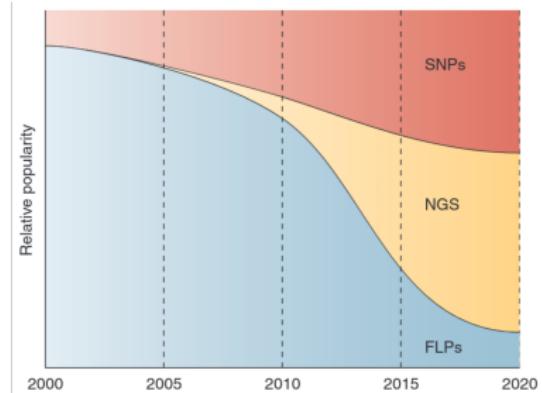
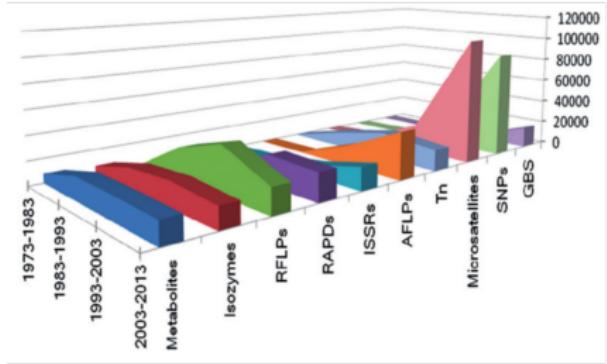
# Marcadores Genéticos

## Frequência de uso



[Nadeem et al., 2017]

DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing

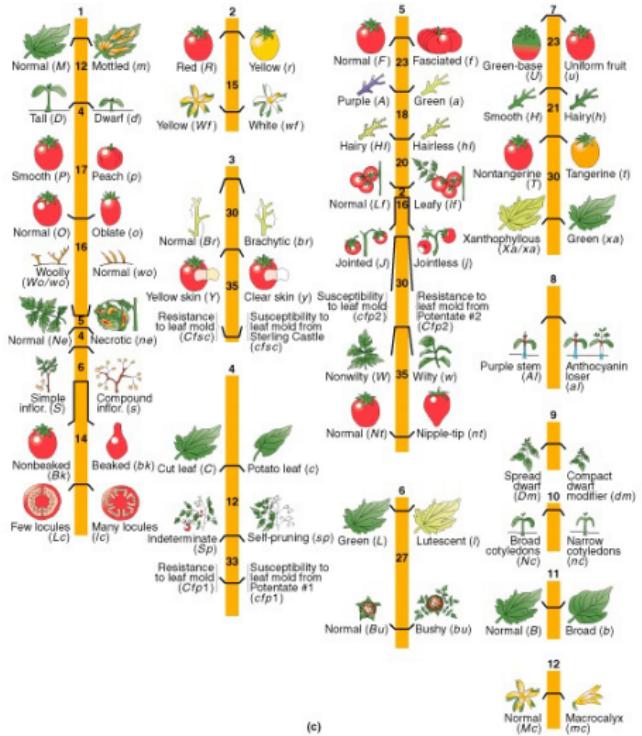


[Grover and Sharma, 2014] [Seeb et al., 2011]



# Um mapa de 1952

## ► Marcadores Morfológicos

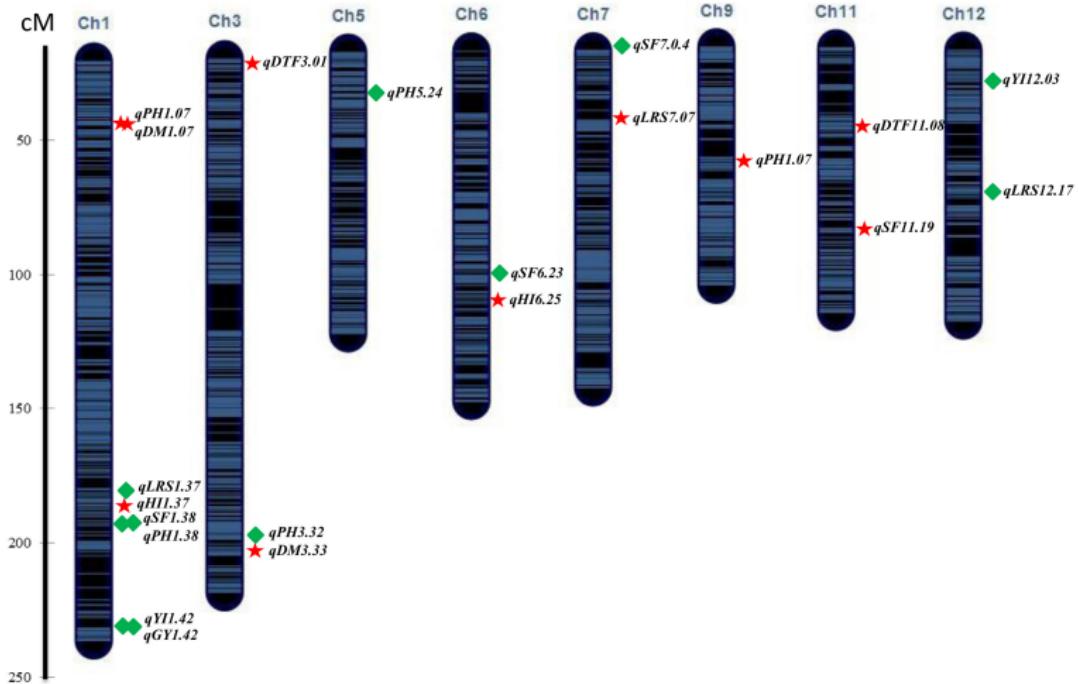


"The Tomato", C. M. Rick Copyright 1978 de Scientific American, Inc



# Mapas agora

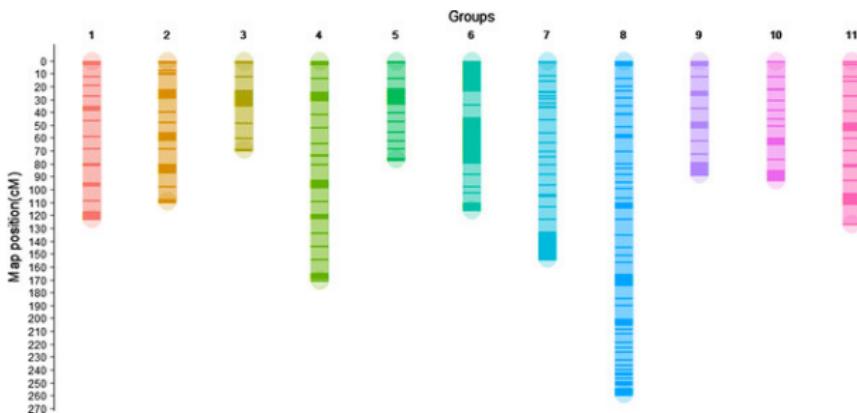
## Arroz



4748 SNPs e 181 RILs [Bhattarai and Subudhi, 2018]

# Mapas agora

*Jatropha curcas* purgueira, jatrofa ou pinhão-manso



3422 SNPs e 153 indivíduos F1 segregante [Xia et al., 2018]

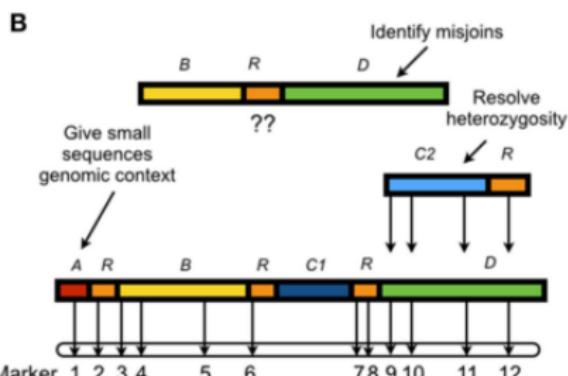
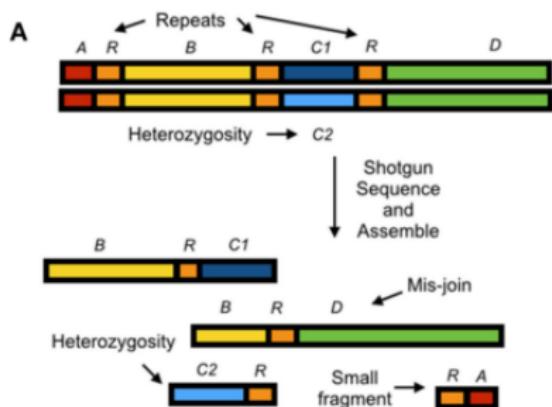
# Aplicações

## ► Mapas densos e auxílio na montagem de genomas



[Fierst, 2015]

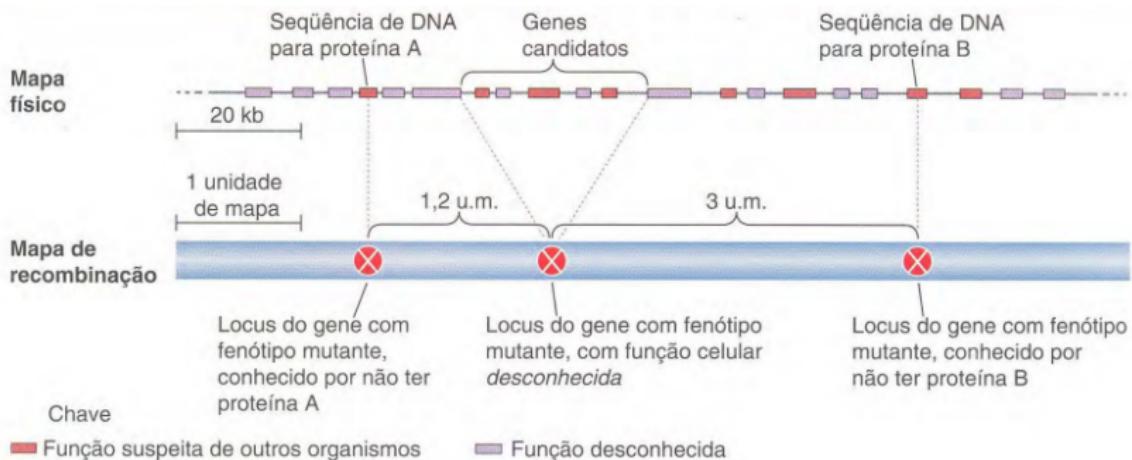
Using linkage maps to correct and scaffold de novo genome assemblies: methods, challenges, and computational tools



# Aplicações



- Complementariedade com mapas físicos para estudo de funções gênicas



[Griffiths et al., 2004]

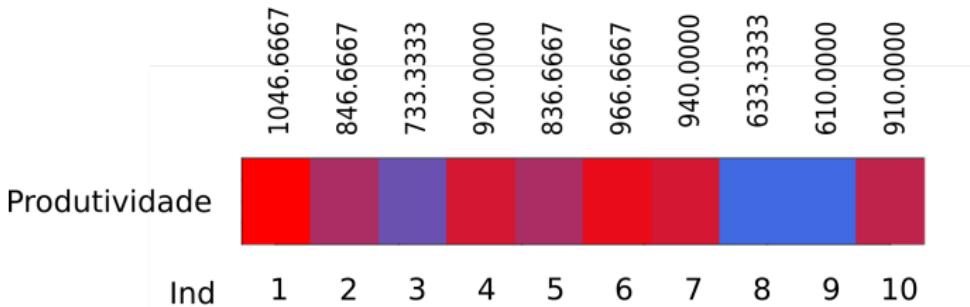


# Aplicações

## A ideia de associação genótipo x fenótipo

Conjunto de dados exemplo: Produtividade de Feijão em Lavras

► 10 indivíduos

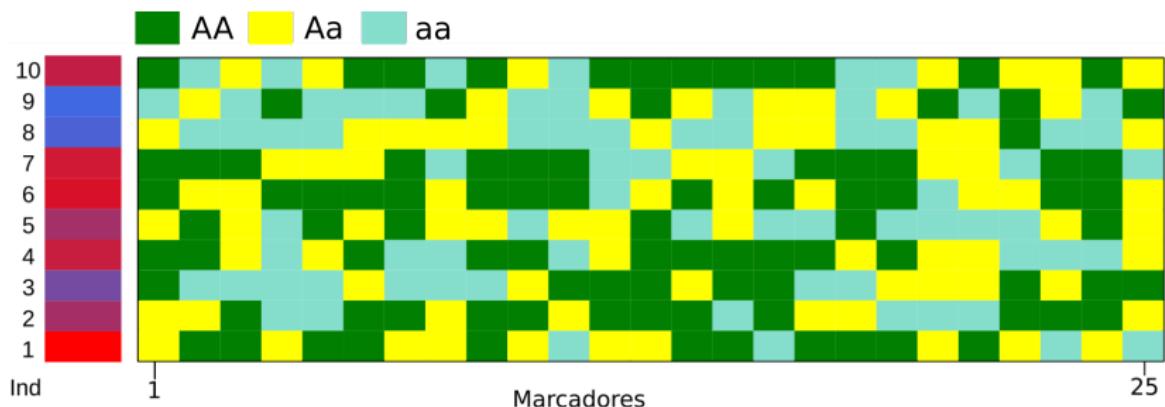




# Aplicações

## A ideia de associação genótipo x fenótipo

- ▶ 25 marcadores
- ▶ 15 marcadores ligados à característica
- ▶ 10 marcadores não ligados à característica

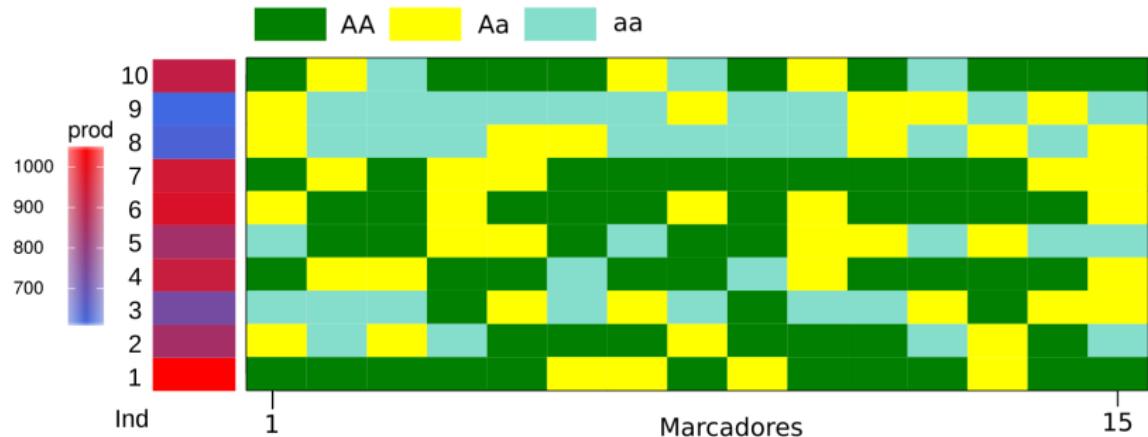




# Aplicações

## A ideia de associação genótipo x fenótipo

- ▶ 25 marcadores
- ▶ 15 marcadores ligados à característica

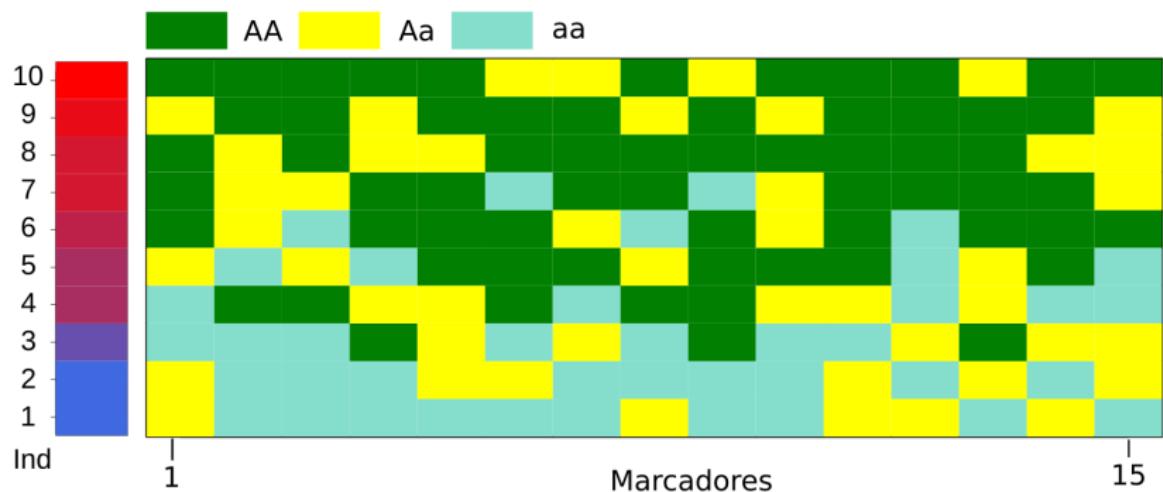




# Aplicações

## A ideia de associação genótipo x fenótipo

- ▶ 25 marcadores
- ▶ 15 marcadores ligados à característica

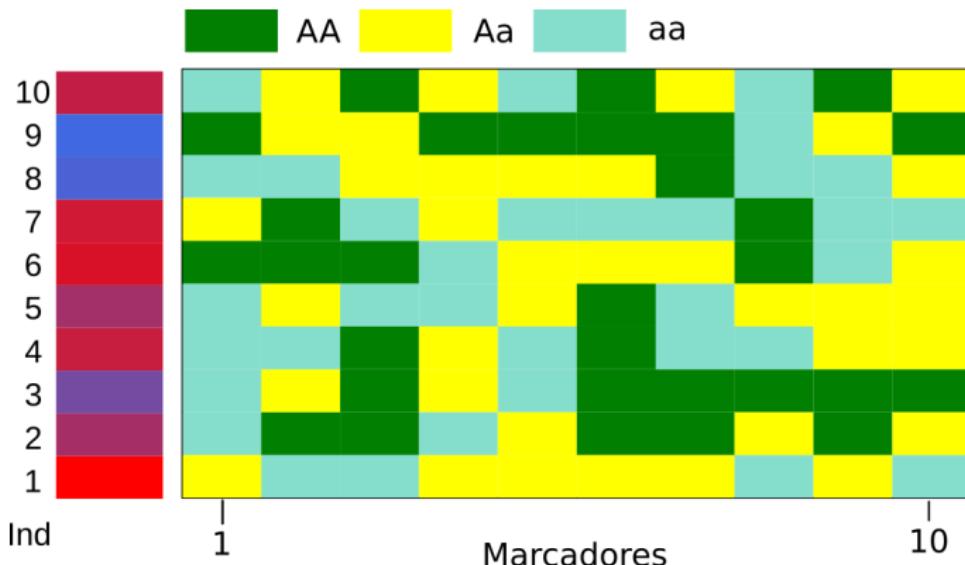




# Aplicações

## A ideia de associação genótipo x fenótipo

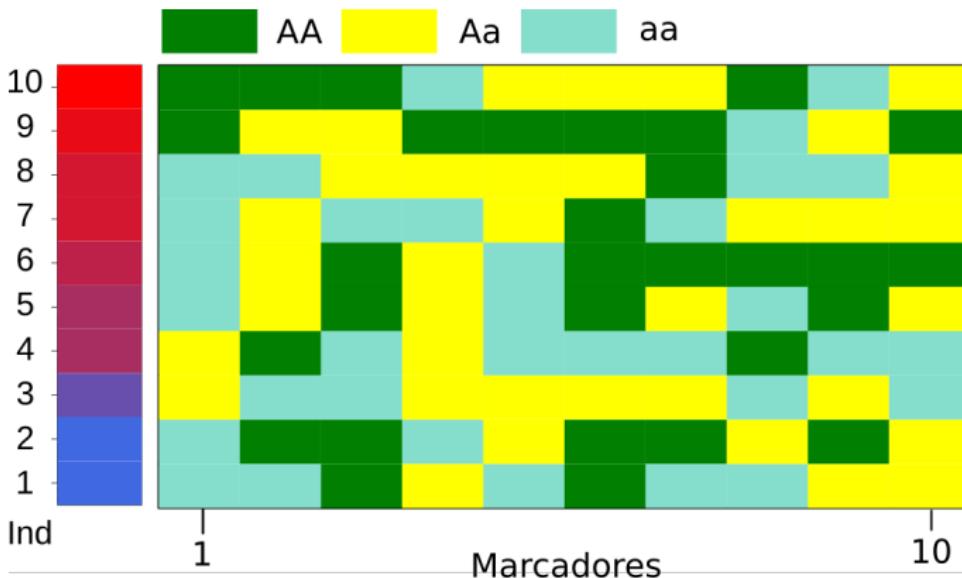
- ▶ 25 marcadores
- ▶ 10 marcadores não ligados à característica



# Aplicações

## A ideia de associação genótipo x fenótipo

- ▶ 25 marcadores
- ▶ 10 marcadores não ligados à característica



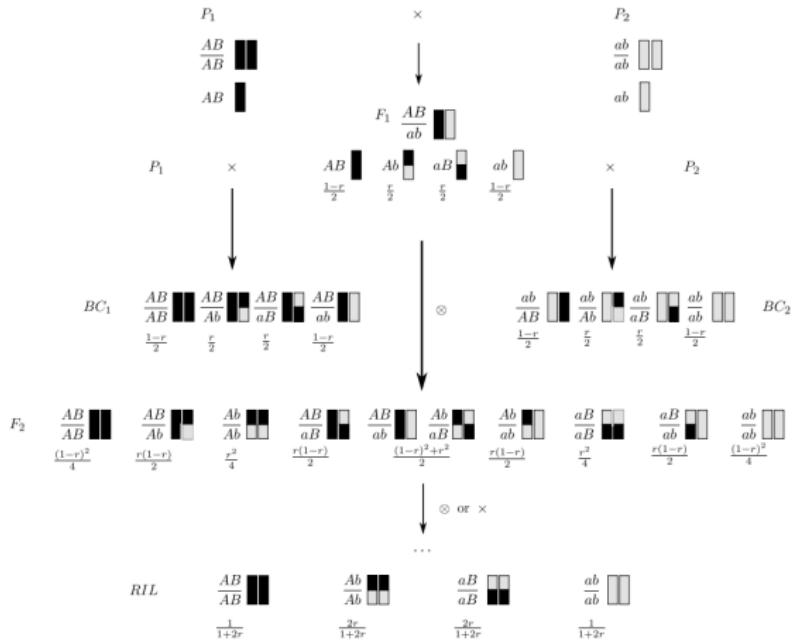
# Construção de Mapas Genéticos



# Construção de Mapas Genéticos

## Populações de mapeamento

### ► Provinda de linhagens

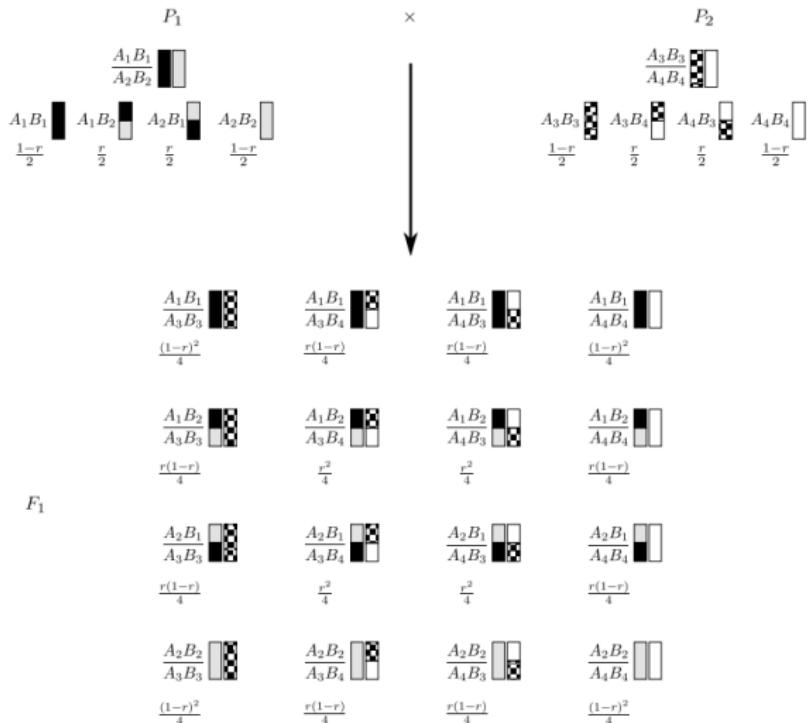




# Construção de Mapas Genéticos

## Populações de mapeamento

### ► F1 segregante





# Construção de Mapas Genéticos

## Obtenção de marcadores

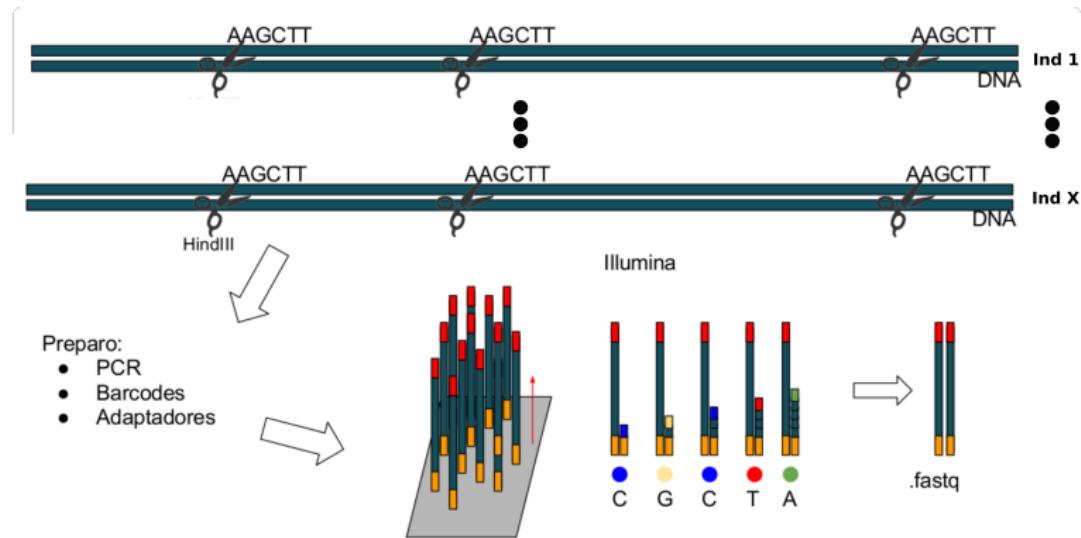
- ▶ Microssatélites
  - ▶ Poliplóides e F1 segregante
- ▶ SNPs
  - ▶ Restriction site-associated DNA sequencing (RAD)
  - ▶ Sequenom
  - ▶ Amplified-fragment single nucleotide polymorphism and methylation (AFSM)
  - ▶ Genotyping-by-sequencing (GBS)
  - ▶ DArT Seq e outras tecnologias arrays



# Construção de Mapas Genéticos

## Genotipagem por Sequenciamento

### ► Metodologia



[Elshire et al., 2011]



# Construção de Mapas Genéticos

## Chamada de SNPs



[Elshire et al., 2011]



# Construção de Mapas Genéticos

## Chamada de SNPs

- ▶ Principais softwares
  - ▶ TASSEL, STACKS, GATK e freebayes
- ▶ Vantagem do Genoma de Referência
- ▶ Erros
  - ▶ Profundidade x Plexagem
  - ▶ Qualidade do Sequenciamento
  - ▶ Viés da PCR
  - ▶ Alinhamento



# Construção de Mapas Genéticos

## Filtragem dos marcadores

- Padrão de segregação

P1		P2
Aa	x	AA
Aa	AA	<del>aa</del>

P1		P2
aa	x	AA
Aa	<del>AA</del>	<del>aa</del>

- Dados perdidos
- Profundidade
- MAF



# Construção de Mapas Genéticos

## Estimação da fração de recombinação

- Estimador de máxima verossimilhança para o caso mais simples:

População de retrocruzamento

$$r = \frac{n_r}{n}$$

$n_r$ : Número de indivíduos com genótipo recombinante

$n$ : Número total de indivíduos na progênie

- Estimadores para todas os possíveis cruzamentos, inclusive para espécies outcrossing:



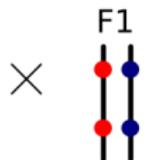
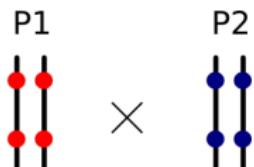
[Maliepaard et al., 1997]

Linkage analysis in a full-sib family of an outbreeding plant species: overview and consequences for applications.

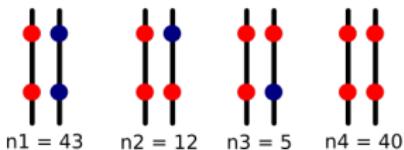


# Construção de Mapas Genéticos

Estimação da fração de recombinação



Pop. retrocruzamento



$$r_{AB} = \frac{12+5}{100} = 0.17$$
$$r_{AC} = 0.22$$
$$r_{BC} = 0.3$$

Qual a ordem?  
B-A-C



# Construção de Mapas Genéticos

## Agrupamento

*Critérios para determinar se marcadores pertencem ao mesmo grupo*

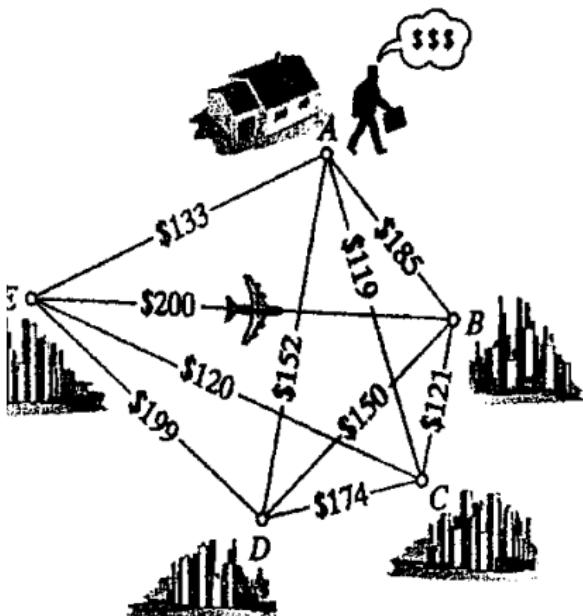
- ▶ Estimativa de dois pontos de  $r$  (inferior à 0.5)
- ▶ p-valor relativo à H<sub>0</sub>
- ▶ LOD Score



# Construção de Mapas Genéticos

## Algoritmos de ordenamentos

Problema do caixeiro viajante





# Construção de Mapas Genéticos

## Algoritmos de ordenamento

Testar todas as ordens possíveis?

Locos	Ordens	Tempo
5	$5!/2$	Insignificante
10	$1.814.400$	0,0062 seg
15	$653\,837.\,184.000$	2,5427 h
20	$1,21 \times 10^{18}$	732,4 anos
25	$7,75 \times 10^{24}$	5.898.373.012,27 anos

Utilização de Heurística



# Construção de Mapas Genéticos

## Algoritmos de ordenamento

- ▶ Comando TRY (MAPMAKER/EXP)
  - ▶ Ordena sub-ordem exaustivamente, e depois testa posição dos marcadores remanescentes, um a um
- ▶ Comando ORDER (MAPMAKER/EXP)
  - ▶ Automatização do TRY
- ▶ Rapid Chain Delineation (RCD)
- ▶ Multidimensional scaling (MDS)
- ▶ RIPPLE



# Construção de Mapas Genéticos

## Estimativa Multiponto das Distâncias

### *Solução para os problemas*

- ▶ Dados perdidos
- ▶ Erros de genótipos
- ▶ Marcadores com baixa informatividade
- ▶ Integração de mapas em F1 segregante

Uso de abordagem com Modelos Gráficos Probabilísticos



# Construção de Mapas Genéticos

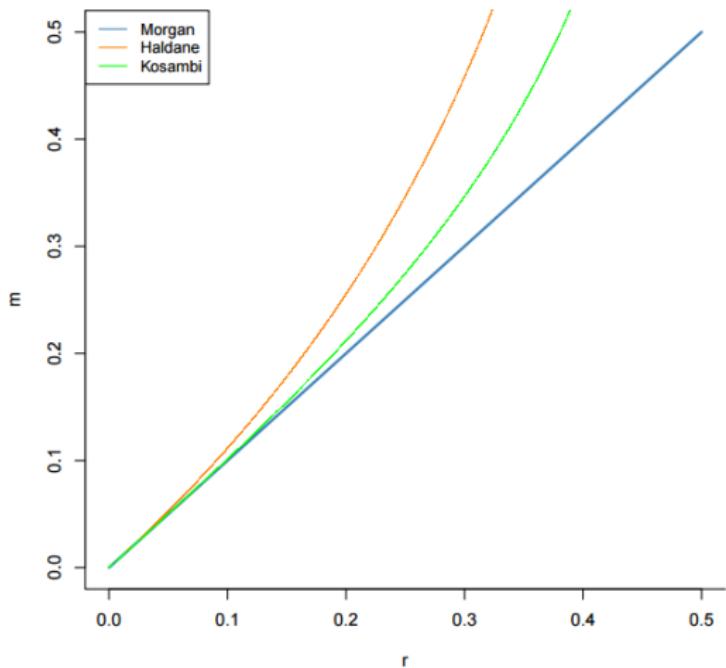
## Funções de Mapeamento

- ▶ Morgan
  - ▶ Proporcional à fração de recombinação
  - ▶ Distâncias não podem ser somadas
- ▶ Haldane
  - ▶ Considera ausência de interferência e distribuição de Poisson
  - ▶ Distâncias podem agora ser somadas
- ▶ Kosambi
  - ▶ Baseada em observações empíricas
  - ▶ Considera interferência
  - ▶ Geralmente a mais adequada



# Construção de Mapas Genéticos

## Funções de Mapeamento





# Construção de Mapas Genéticos

## Software OneMap



[Margarido et al., 2007]

OneMap: software for genetic mapping in outcrossing species.

- ▶ Populações diplóides: retrocruzamento, F2, RILs e F1 segregante
- ▶ Teste de Segregação
- ▶ Agrupamento
- ▶ Teste de dois pontos
- ▶ Diversos algoritmos de ordenamento



# Construção de Mapas Genéticos

## Software OneMap

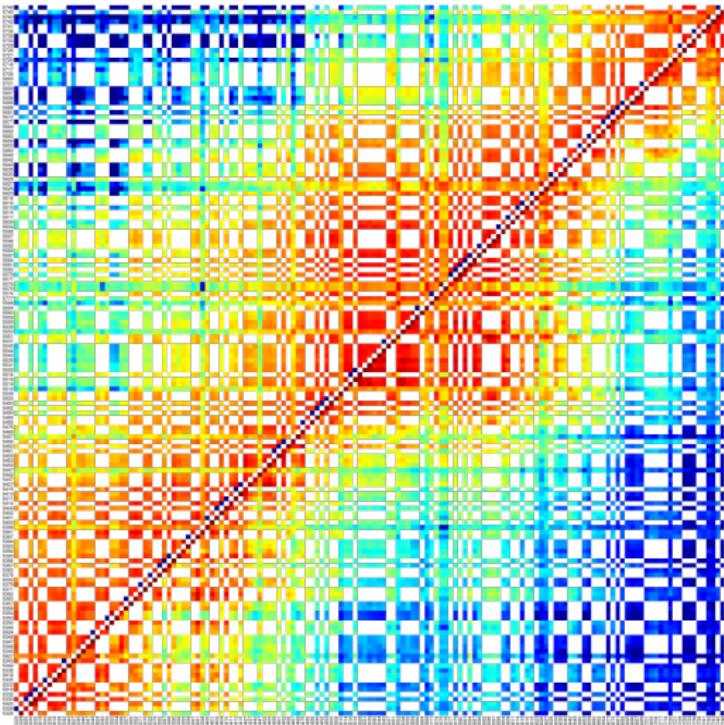
- ▶ Estimativa Multiponto
- ▶ Pondera confiabilidade dos marcadores conforme profundidade (Futuro)
- ▶ Combina SNPs em haplótipo para maior informatividade (Futuro)
- ▶ Possibilidade de utilizar mapas anteriores ou informações de genoma
- ▶ Tutoriais didáticos
- ▶ Gráficos elegantes



# Construção de Mapas Genéticos

Software OneMap

Cromossomo 11 de *Eucalyptus grandis* x *Eucalyptus urophylla*





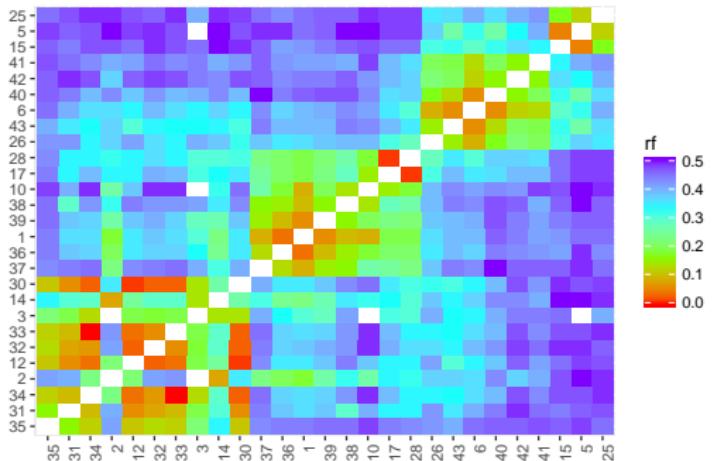
# Construção de Mapas Genéticos

## Software OneMap

Como saber se está bom?

- Verossimilhança: -1823.505
- Distância entre marcadores: 229.78 cM
- Padrão de cores no gráfico

Conjunto de dados exemplo do OneMap



Esse está ruim!



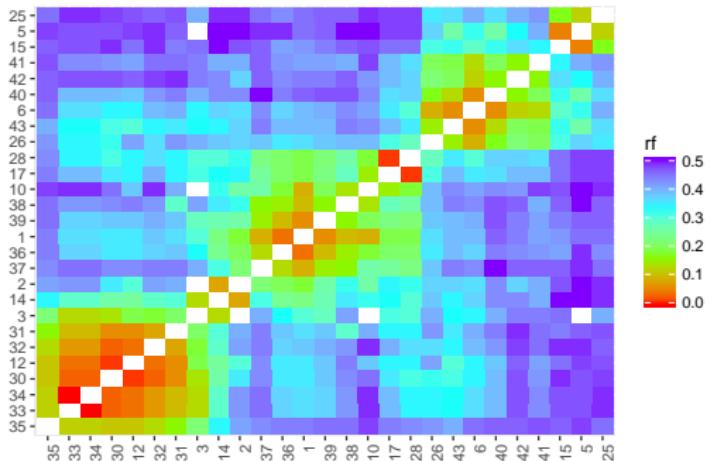
# Construção de Mapas Genéticos

## Software OneMap

Como saber se está bom?

- Verossimilhança: -1574.924
- Distância entre marcadores: 120.49 cM
- Padrão de cores no gráfico

Conjunto de dados exemplo do OneMap



Esse está bom!

# Mapeamento de QTLs



# Princípios de Mapeamento de QTLs

- O que são QTLs?
  - Quantitative Trait Loci: locos que contribuem para a variação de um caráter quantitativo
  - Mapeamento: identificação de tais locos em cruzamentos experimentais

## *Estudos da arquitetura genética*

- Número de QTLs
- Localização dos mesmo no mapa/genoma
- Seus efeitos
- Interações entre si (epistasia)
- Interações QTLxE



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Planejamento do experimento

- ▶ Lidar com variações que não são foco do estudo
  - ▶ Diferenças de irrigação, composição do solo, fertilização, captação de luz, replantio, etc.
- ▶ Obedecer princípios básicos de experimentação:
  - ▶ Aleatorização
  - ▶ Repetições
  - ▶ Bordaduras (experimentos em campo)
  - ▶ Escolha de um delineamento que melhor controle variações do experimento específico



# Princípios de Mapeamento de QTLs

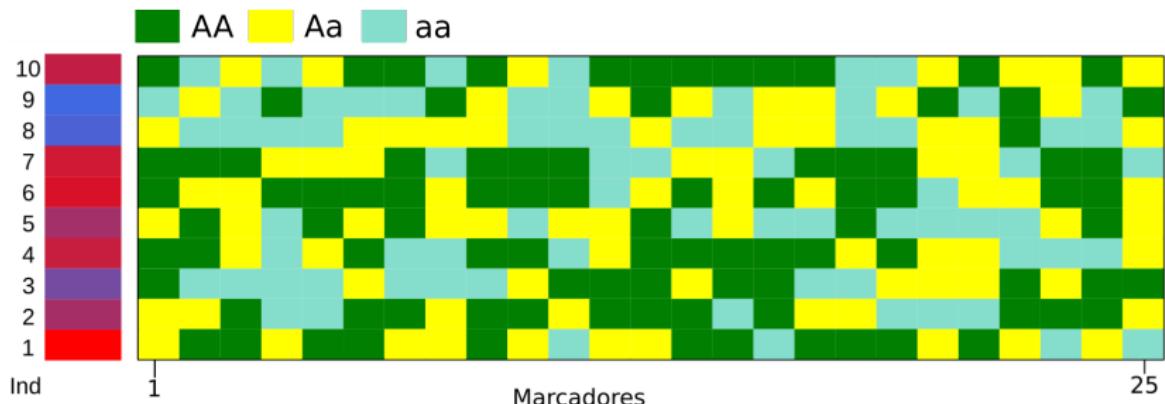
## Planejamento do experimento

- ▶ Utilização de modelo estatístico apropriado
  - ▶ Modelo fixo
  - ▶ Modelo aleatório
  - ▶ Modelo misto
- ▶ Uso dos BLUEs ou BLUPs nos modelos de QTL



# Princípios de Mapeamento de QTLs

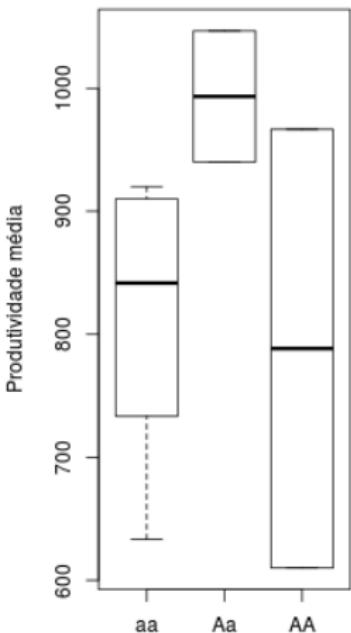
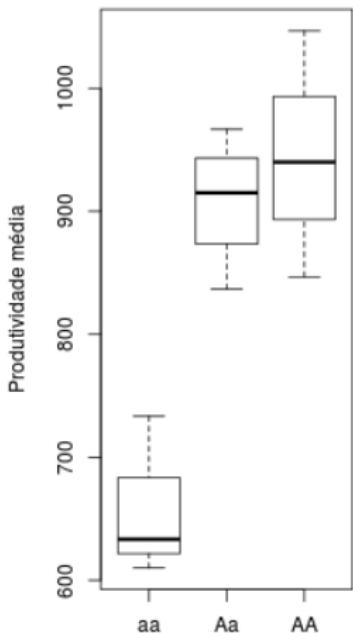
Voltando ao nosso exemplo intuitivo:



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Marca Individual

- ▶ Testar se há diferenças fenotípicas entre indivíduos de diferentes classes genotípicas

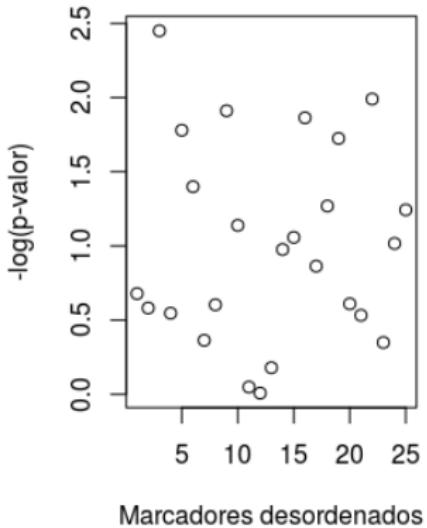
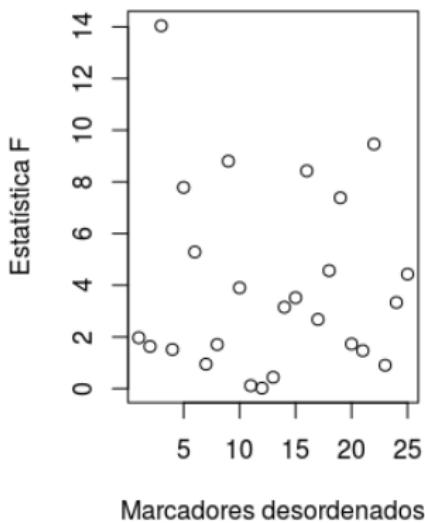




# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Marca Individual

- Estatística F e p-valor

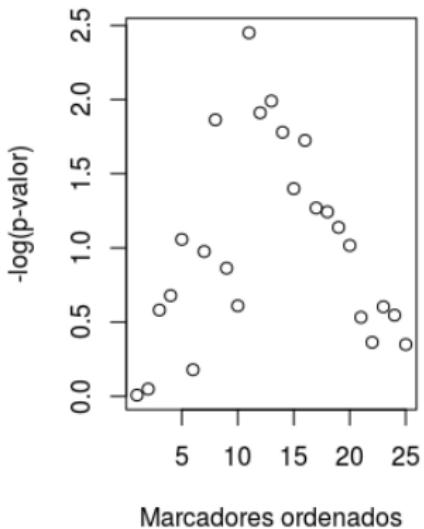
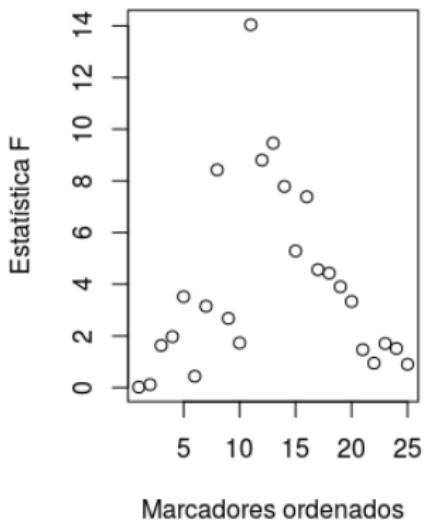




# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Marca Individual

- Estatística F e p-valor





# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Marca Individual

- Regressão Linear simples - caso de retrocruzamento

$$y_j = \mu + \beta x_j + \varepsilon_j$$

$j = 1, 2, 3, \dots, n$

$y_j$  = valor fenotípico do indivíduo  $j$

$\mu$  = intercepto

$x_j$  =

$$\begin{cases} 1, \text{ se o indivíduo } j \text{ tem genótipo AA} \\ 0, \text{ se o indivíduo } j \text{ tem genótipo Aa} \end{cases}$$

$\beta$  = coeficiente de regressão linear (efeitos genéticos)

$$\varepsilon_j \sim N(0, \sigma^2)$$



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Marca Individual

- Regressão Linear múltipla - caso de uma população  $F_2$

$$y_j = \mu + \beta_1 x_{1j} + \beta_2 x_{2j} + \varepsilon_j$$

$j = 1, 2, 3, \dots, n$

$y_j$  = valor fenotípico do indivíduo  $j$

$\mu$  = intercepto

$x_{1j}$  =

$$\begin{cases} 1, & \text{se o indivíduo } j \text{ tem genótipo AA} \\ 0, & \text{se o indivíduo } j \text{ tem genótipo Aa} \\ -1, & \text{se o indivíduo } j \text{ tem genótipo aa} \end{cases}$$

$x_{2j}$  =

$$\begin{cases} -\frac{1}{2}, & \text{se o indivíduo } j \text{ tem genótipo AA} \\ 1, & \text{se o indivíduo } j \text{ tem genótipo Aa} \\ -\frac{1}{2}, & \text{se o indivíduo } j \text{ tem genótipo aa} \end{cases}$$

$\beta_1$  e  $\beta_2$  = coeficientes de regressão linear (efeitos genéticos aditivo e de dominância)

$$\varepsilon_j \sim N(0, \sigma^2)$$



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Marca Individual

- Hipótese  $H_0 : \beta = 0$  e  $H_1 : \beta \neq 0$

*Com um pouco de conhecimento em Modelos Lineares*

- Obtenção dos efeitos genéticos por quadrados mínimos ou máxima verossimilhança
- Análise de variância, estatística F, p-valor, LOD score



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Marca Individual

### Vantagens

- ▶ Fácil implementação e entendimento
- ▶ Não requer softwares específicos
- ▶ Não precisa que o mapa tenha sido estimado
- ▶ Pode ser aplicada para marcadores não ligados
- ▶ Base para métodos como GWAS e GWS

### Desvantagens

- ▶ Não é possível saber se há mais de um QTL ligado ao marcador
- ▶ Não há estimativa da posição do QTL
- ▶ Considera um único QTL, logo, não permite estudos de epistasia
- ▶ O efeito do QTL é subestimado



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalos



[Lander and Botstein, 1989]

Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps

- Abordagem inovadora e precursora de outros métodos de análise (CIM, MIM, etc).



# Princípios de Mapeamento de QTLs

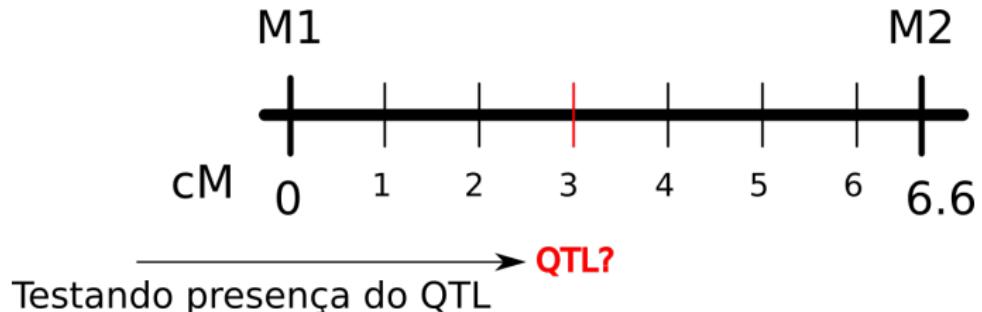
## Mapeamento por Intervalos

- ▶ Percorre sistematicamente o genoma em busca de QTLs
- ▶ Extensão da análise de marcador individual, permitindo análise nos intervalos
- ▶ Usa a informação dos marcadores flanqueadores aos intervalos (Na modernidade: multiponto)



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalos



- Ideia central: considerar os QTLs como dados perdidos ou variáveis latentes (modelo de misturas)



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalos

- Modelo para retrocruzamento

$$y_j = \mu + \beta^* x_j * + \varepsilon_j$$

$j = 1, 2, 3, \dots, n$

$y_j$  = valor fenotípico do indivíduo  $j$

$\mu$  = intercepto

$x_j^*$  =

$$\left\{ \begin{array}{l} 1, \text{ se o genótipo do QTL do indivíduo } j \text{ é QQ} \\ 0, \text{ se o genótipo do QTL do indivíduo } j \text{ é Qq} \end{array} \right\}$$

$\beta^*$  = coeficiente de regressão linear (efeito do possível QTL)

$$\varepsilon_j \sim N(0, \sigma^2)$$



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalos

- ▶ O modelo considera o genótipo do QTL e não dos marcadores
- ▶ Genótipo dos QTLs são uma variável não observada, ou latente. Isso caracteriza um modelo de misturas.
- ▶ Os marcadores flanqueadores de um intervalo são utilizados para calcular a probabilidade do genótipo do QTL numa dada posição  $\theta$  do intervalo

$$p_{kj} = P(x_j^* = k | M_i M_{i+1}, \theta)$$

$$k = 0, 1$$

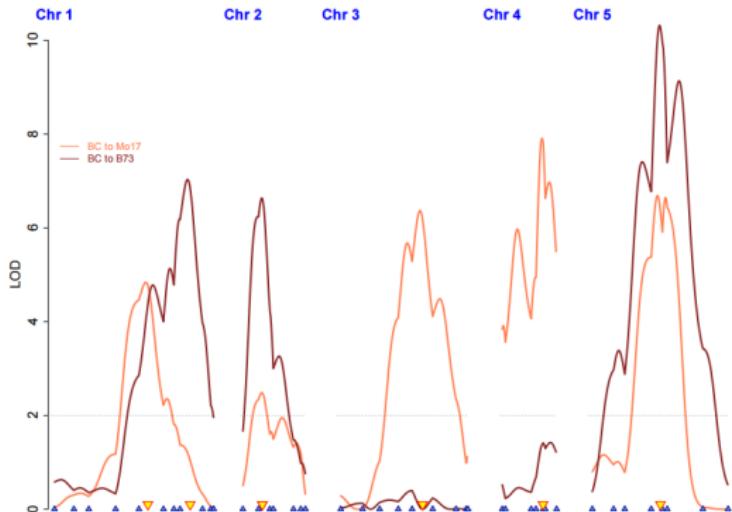
# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalos



[Lander and Botstein, 1989]

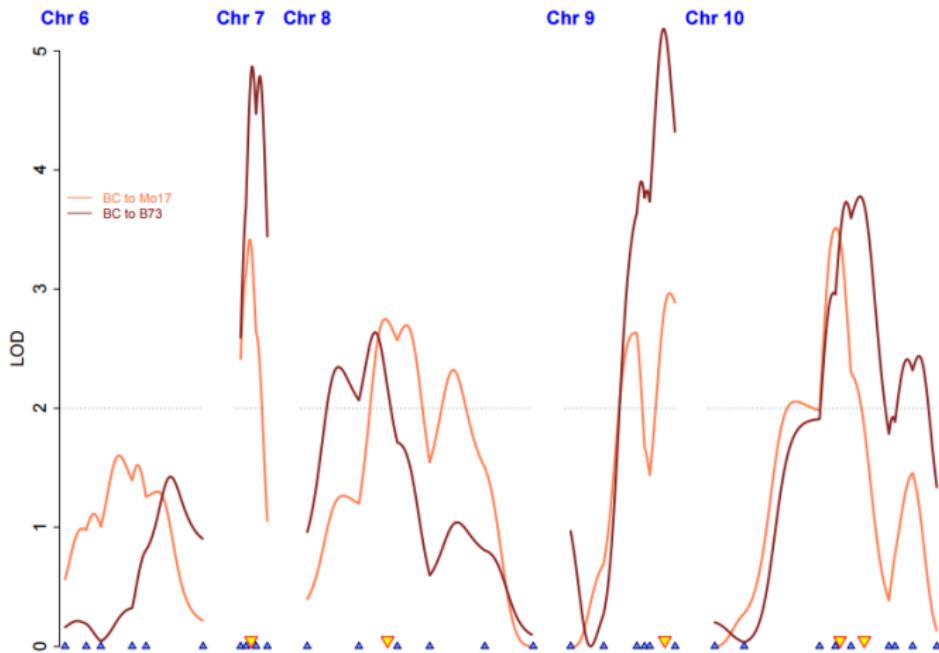
Identification of Genetic Factors Contributing to Heterosis in a Hybrid From Two Elite Maize Inbred Lines Using Molecular Markers





# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalos





# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalos

Cromos.	Marcador	LOD	$R^2$	Efeito
RC com <i>B73</i>				
1	<i>NPI255</i>	6,91	15,1	10,40
2	<i>NPIB1</i>	6,63	13,3	9,72
5	<i>Amp3</i>	9,73	18,0	11,30
7	<i>NPI216</i>	4,44	8,8	7,98
9	<i>NPI427</i>	4,80	10,3	8,70
10	<i>NPI264</i>	3,16	6,2	6,52
RC com <i>Mo17</i>				
1	<i>NPI429</i>	4,78	9,5	9,50
3	<i>NPI212</i>	6,53	14,4	12,38
4	<i>NPI444</i>	8,01	13,9	11,34
5	<i>Amp3</i>	6,86	12,9	13,72
7	<i>NPI216</i>	3,31	6,4	8,02
8	<i>BLN1.45</i>	2,73	5,8	7,68
9	<i>NPI427</i>	2,97	5,6	7,52
10	<i>Glu1</i>	3,56	6,5	7,06



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalos

### *Vantagens*

- ▶ Possível fazer inferência sobre a posição do QTL
- ▶ Maior poder estatístico que as análises feitas individualmente

### ► Observação

- ▶ No caso de mapas muito saturados, o IM é equivalente à análise individual dos marcadores



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalos

### *Desvantagens*

- ▶ Não exclui influência de QTLs de fora da região avaliada
- ▶ Influência de outros QTLs podem gerar falsos positivos
- ▶ Não se usa toda a informação do genoma para a avaliação
- ▶ Não permite estudos de epistasia de forma apropriada



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Nível de Significância

*Como determinar um nível de significância (threshold)?*

Pode ser considerada distribuição  $\chi^2$  sob  $H_0$ , mas existem complicações decorrente do grande número de testes feitos, já que percorre todo genoma

► Métodos analíticos

- Suposições gerais (tamanho do genoma, saturação do mapa, número de indivíduos, tipo de marcador, etc)



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Nível de Significância

Uma boa ideia: Permutações

- [Doerge and Churchill, 1996]  
Empirical Threshold Values for Quantitative Trait Mapping.
- [Doerge, 1996]  
Permutation Tests for Multiple Loci Affecting a Quantitative Character.



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Nível de Significância

### Vantagens

- ▶ Threshold particular para cada conjunto de dados
- ▶ Se suposições dos métodos analíticos estiverem corretas, gera resultados semelhantes
- ▶ Método mais aceito para publicações

### Desvantagem

- ▶ Tendência de ser conservativo
- ▶ Difícil de implementar para modelos muito complexos
- ▶ Elevado tempo de processamento (em algumas situações)



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Nível de Significância

### Passos

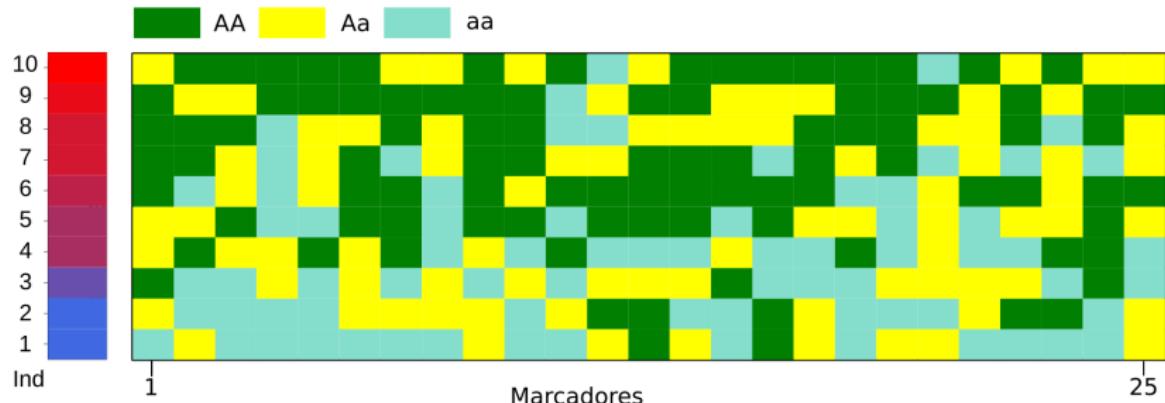
- ▶ Permutar o genótipo em relação ao fenótipo (torna os valores de associação aleatórios)
- ▶ Fazer o teste de associação (IM e outros)
- ▶ Armazenar o maior valor de LOD
- ▶ Repetir (normalmente 1000x) até que todos os valores armazenados formem um distribuição empírica
- ▶ Limiar é obtido pelo percentil da distribuição



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Nível de Significância

- ▶ Permutar o genótipo em relação ao fenótipo (torna os valores de associação aleatórios)

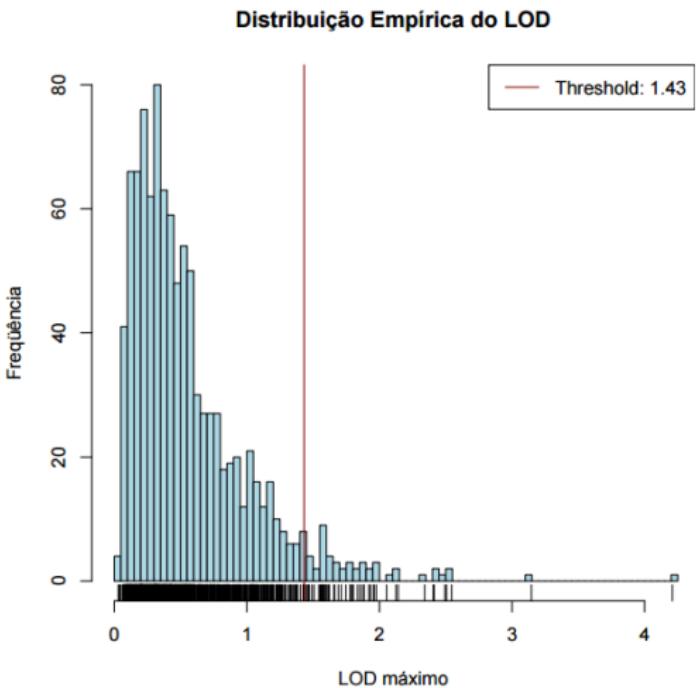




# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Nível de Significância

- Limiar é obtido pelo percentil da distribuição





# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalo Composto



[Zeng, 1993]

Theoretical basis of separation of multiple linked gene effects on mapping quantitative trait loci.

- ▶ Promove independência do QTL que está sendo avaliado em relação aos outros contidos no genoma
- ▶ Inclusão de covariáveis no modelo



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalo Composto

$$y_j = \mu + \beta^* x_j^* + \sum_k \beta_k x_{jk} + \varepsilon_j$$

$j = 1, 2, \dots, n$

$y_i$  = valor fenotípico do indivíduo  $j$

$\mu$  = intercepto

$x_j^*$  =

$$\begin{cases} 1, \text{ se o genótipo do QTL é QQ} \\ 0, \text{ se o genótipo do QTL é Qq} \end{cases}$$

$\beta^*$  = efeito do possível QTL

$x_{jk}$  = cofatores (marcas selecionadas para controlar variação)

$\beta_k$  = efeito do  $k$ -ésimo cofator

$\varepsilon_j \sim N(0, \sigma^2)$



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalo Composto

### Seleção das covariáveis

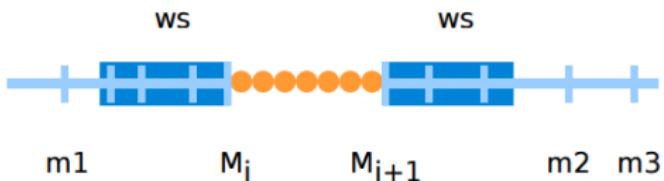
- ▶ Poucos marcadores: não há redução da variância residual
- ▶ Muitos marcadores: redução do poder da análise
- ▶ Deve ser avaliado para cada situação:
  - ▶ Análise de regressão múltipla com procedimento stepwise



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalo Composto

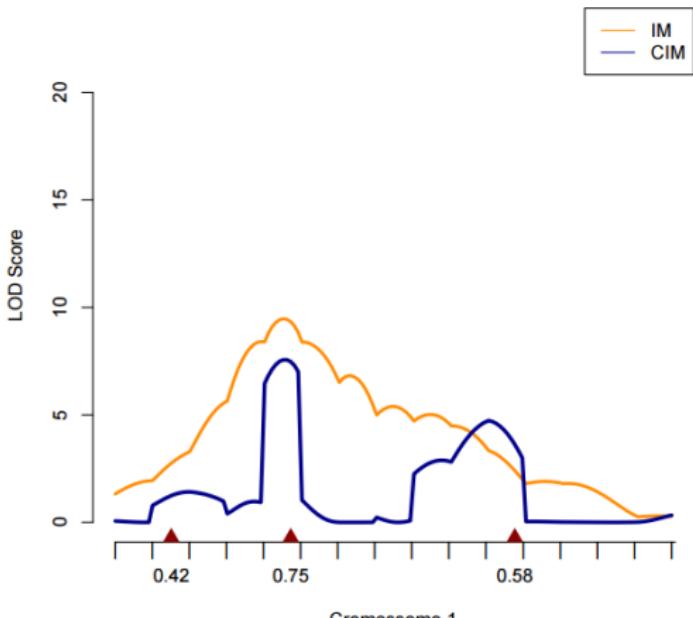
- Utiliza-se modelo stepwise para definir marcadores significativos
- Estabelece-se um tamanho para a janela adjacente ao intervalo sendo avaliado (normalmente 10 ou 15 cM)
- Marcadores selecionados que estão fora da janela são considerados cofatores
- Usa-se modelo específico (alterando os cofatores) para cada intervalo avaliado





# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalo Composto



[Zeng, 1994]



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Intervalo Composto

Metodologia expandida para F1 segregante:



[Gazaffi et al., 2014]

A model for quantitative trait loci mapping, linkage phase, and segregation pattern estimation for a full-sib progeny.



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Múltiplos Intervalos

Modelos CIM realizam mapeamento de um único QTL de cada vez, buscando controlar variações de QTLs de fora do intervalo.

### A ideia

Já que o objetivo é controlar a variação causada por outros QTLs, por que não incluí-los diretamente no modelo? [Kao and Zeng, 1997], [Kao et al., 1999], [Zeng et al., 1999]

Exemplo: Modelo com três QTLs:

$$y_j = \mu + \beta_1^* x_{1j}^* + \beta_2^* x_{2j}^* + \beta_3^* x_{3j}^* + \varepsilon_j$$



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Múltiplos Intervalos

- Modelo considera múltiplos QTLs
- Conjunto de procedimentos para mapeamento: seleção e comparação de modelos

### Vantagens

- Combina alta precisão e poder estatístico
- Permite a inclusão de epistasia (interação entre locos)
- Permite o estudo da arquitetura genética dos caracteres quantitativo
- Permite estimar o número, posição, efeitos e interação entre QTLs
- Permite estimar o breeding value: seleção assistida



# Princípios de Mapeamento de QTLs

## Mapeamento por Múltiplos Intervalos

### *Uma estratégia para realizar o MIM no R/QTL*

- ▶ Fazer uma regressão múltipla para selecionar marcas significativas
- ▶ Ajustar modelo CIM para cada intervalo
- ▶ Fazer um teste preliminar de interação entre as marcas
- ▶ Definir um modelo com m QTLs e t interações
- ▶ Testar cada parâmetro desse pré-modelo no contexto do MIM; eliminar os efeitos não significativos

Assim seleciona-se um pré-modelo



# Princípios de Mapeamento de QTLs

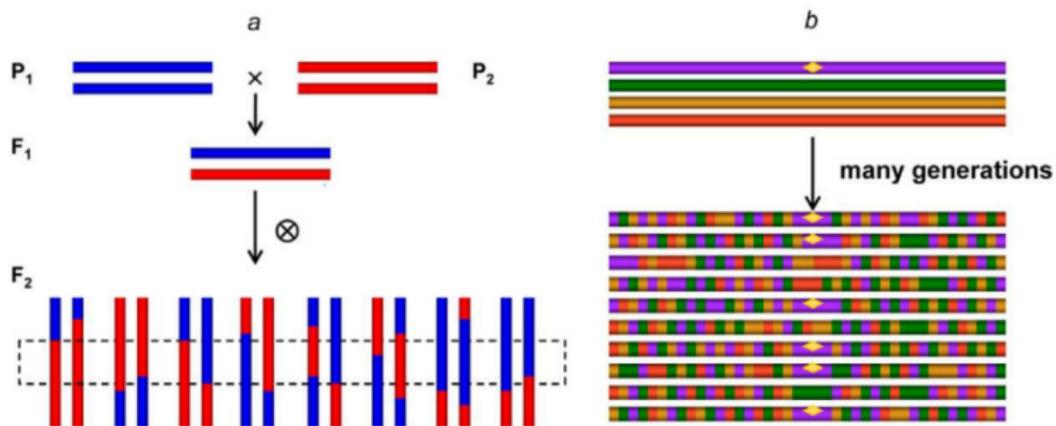
## Mapeamento por Múltiplos Intervalos

- ▶ Começar com um modelo com  $m$  QTLs e  $t$  efeitos epistáticos
- ▶ Procurar ao longo do genoma um  $(m + 1)$ -ésimo QTL
- ▶ Procurar um  $(t + 1)$ -ésimo efeito epistático. Repetir o processo até não encontrar mais efeitos significativos
- ▶ Reavaliar os efeitos de todos os QTLs no modelo. Manter os significativos (ou com epistasia significativa)
- ▶ Otimizar as estimativas das posições dos QTLs do modelo. Normalmente, isso é feito para cada QTL individualmente, condicionado à presença dos demais QTLs no modelo
- ▶ Retornar ao passo 2 e repetir o processo até não haver mais variações (efeitos e posições otimizados)

# QTLs x GWAS



# Mapeamento Associativo



[Zhu et al., 2008]

- Feito com germoplasma (coleção de indivíduos, genitores, coleta, etc)
- Maior resolução



# Mapeamento Associativo

## Cruzamentos controlados x grupo de genótipos

Até agora:

- as frequências alélicas/genotípicas são conhecidas a priori

Exemplo: F2

- $p(A) = p(a) = 1/2$
- Se AB e ab são parentais então Ab e aB na progênie são recombinantes
- Frequencia na progênie é em função da fração de recombinação
- Estrutura populacional conhecida (todos pertencem a mesma)
- Parentesco é o mesmo



# Mapeamento Associativo

## Cruzamentos controlados x grupo de genótipos

Em GWAS existem outras situações:

- ▶ Necessário investigar se não há associação preferencial entre alelos (intra e inter loco)
- ▶ Desequilíbrio de ligação: pode ser quantificado usando alguma medida de associação entre os estados alélicos de pares de locos
- ▶ Pode haver desequilíbrio devido a outras causas que não a ligação genética!



# Mapeamento Associativo

## Desequilíbrio de ligação

### Definição

DL é qualquer desvio das frequências alélicas em relação às frequências esperadas sob independência, indicando associação preferencial entre alelos de diferentes locos numa população (Lewontin & Kojima, 1960).

- DL e Ligação Física não são sinônimos
- Locos em DL podem não estar ligados
- Locos ligados podem ou não estar em DL (função do número de recombinações)



# Mapeamento Associativo

## Desequilíbrio de ligação

*Fatores que afetam DL em grupo de genótipos:*

- ▶ Recombinação (crossing-overs)
- ▶ Mutação
- ▶ Deriva Genética
- ▶ Seleção
- ▶ Migração
- ▶ Estrutura Populacional

Em mapeamento: DL é devido à ligação

Em GWAS: necessidade de explorar e considerar no modelo todos os fatores



# Mapeamento Associativo

## Desequilíbrio de ligação

### Modelos Mistos

$$y = X\beta + S\alpha + Qv + Zu + e$$

$y$ : fenótipos

$X\beta$ : efeitos fixos do delineamento

$\alpha$ : efeito do SNP

$v$ : efeito (fixo) da estrutura populacional

$u$ : efeitos (aleatórios) dos poligenes do background genético

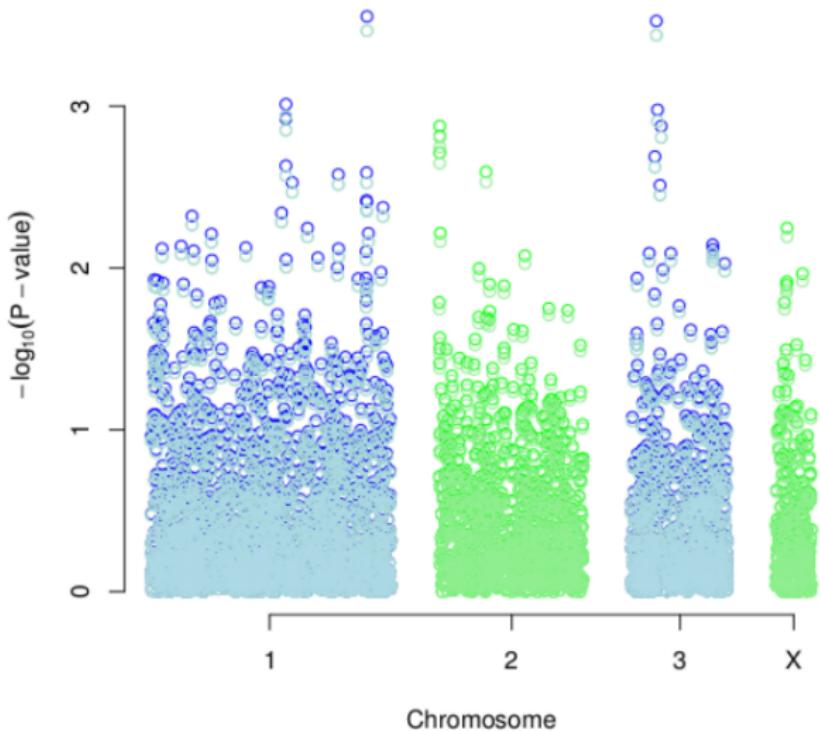
$e$ : vetor de resíduos

$V(u) = 2KV_g$

K : kinship



# Manhattan plot





# Recomendações

- ▶ Biometria de Marcadores Genéticos - Programa de Genética e Melhoramento de Plantas (ESALQ)
- ▶ Modelos Lineares - Estatísticas e Experimentação Agronômica (ESALQ)
- ▶ Modelos Mistos - Estatísticas e Experimentação Agronômica (ESALQ)
- ▶ Tutoriais práticos
  - ▶ [Curso de R](#)
  - ▶ [Construção de Mapas Genéticos a partir de linhagens](#)
  - ▶ [Construção de Mapas Genéticos em F1 segregante](#)
  - ▶ [Mapeamento de QTLs \(IM e CIM\)](#)
  - ▶ [Mapeamento de QTLs por Múltiplos Intervalos](#)



## Referências |

-  Bhattarai, U. and Subudhi, P. K. (2018).  
Genetic analysis of yield and agronomic traits under reproductive-stage drought stress in rice using a high-resolution linkage map.  
*Gene*, 669(April):69--76.
-  Doerge, R. W. (1996).  
Constructing genetic maps by rapid chain delineation.  
*Journal of Quantitative Trait Loci*, 2:1--14.
-  Doerge, R. W. and Churchill, G. A. (1996).  
Permutation Tests for Multiple Loci Affecting a Quantitative Character.  
*Genetics*, 142:285--294.



## Referências II

-  Elshire, R. J., Glaubitz, J. C., Sun, Q., Poland, J. A., Kawamoto, K., Buckler, E. S., and Mitchell, S. E. (2011).  
A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species.  
*PLOS ONE*, 6(5):1--10.
-  Fierst, J. L. (2015).  
Using linkage maps to correct and scaffold de novo genome assemblies: methods, challenges, and computational tools.  
*Frontiers in Genetics*, 6(JUN):1--8.
-  Gazaffi, R., Margarido, G. R. a., Pastina, M. M., Mollinari, M., and Garcia, A. A. F. (2014).  
A model for quantitative trait loci mapping, linkage phase, and segregation pattern estimation for a full-sib progeny.  
*Tree Genetics & Genomes*, 10(4):791--801.



## Referências III

-  Griffiths, A. J. F., Miller, J. H., Suzuki, D. T., Lewontin, R. C., and Gelbart (2004).  
*An Introduction to Genetic Analysis.*  
W. H. Freeman, 8th edition.
-  Grover, A. and Sharma, P. C. (2014).  
Development and use of molecular markers: past and present.  
*Critical reviews in biotechnology*, 8551(00):1--13.
-  Kao, C. and Zeng, Z.-B. (1997).  
General Formulas for Obtaining the MLEs and the Asymptotic Variance- Covariance Matrix in Mapping Quantitative Trait Loci When Using the EM Algorithm.  
*Biometrics*, 53(2):653--665.
-  Kao, C., Zeng, Z.-B., and Teasdale, R. D. (1999).  
Multiple Interval Mapping for Quantitative Trait Loci.  
*Genetics*, 125(July):1203--1216.



## Referências IV

-  Lander, E. S. and Botstein, D. (1989).  
Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps.  
*Genetics*, 121(January):185--199.
-  Maliepaard, C., Jansen, J., and Van Ooijen, J. W. (1997).  
Linkage analysis in a full-sib family of an outbreeding plant species: overview and consequences for applications.  
*Genetical Research*, 70(3):237--250.
-  Margarido, G. R. A., Souza, A. P., and Garcia, A. A. F. (2007).  
OneMap: software for genetic mapping in outcrossing species.  
*Hereditas*, 144(3):78--9.



## Referências V

-  Nadeem, M. A., Nawaz, M. A., Shahid, M. Q., Doğan, Y., Comertpay, G., Yıldız, M., Hatipoğlu, R., Ahmad, F., Alsaleh, A., Labhane, N., Özkan, H., Chung, G., and Baloch, F. S. (2017).  
DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing.  
*Biotechnology & Biotechnological Equipment.*
-  Seeb, J. E., Carvalho, G., Hauser, L., Naish, K., Roberts, S., and Seeb, L. W. (2011).  
Single-nucleotide polymorphism (SNP) discovery and applications of SNP genotyping in nonmodel organisms.  
*Molecular Ecology Resources*, 11(SUPPL. 1):1--8.



## Referências VI

-  Xia, Z., Zhang, S., Wen, M., Lu, C., Sun, Y., Zou, M., and Wang, W. (2018).  
Construction of an ultrahigh-density genetic linkage map for *Jatropha curcas* L. and identification of QTL for fruit yield.  
*Biotechnology for Biofuels*, 11(1):1--10.
-  Zeng, Z.-B. (1993).  
Theoretical basis for separation of multiple linked gene effects in mapping quantitative trait loci.  
*Proc. Natl. Acad. Sci USA*, 90(December):10972--10976.
-  Zeng, Z.-B. (1994).  
Precision mapping of quantitative trait loci.  
*Genetics*, 136(April):1457--1468.
-  Zeng, Z.-B., Kao, C., and Basten, C. J. (1999).  
Estimating the genetic architecture of quantitative traits.  
*Genetical Research*, 74:279--289.



## Referências VII

-  Zhu, C., Gore, M., Buckler, E. S., and Yu, J. (2008).  
Status and Prospects of Association Mapping in Plants.  
*The Plant Genome*, 1(1):5--20.