

# MAPEAMENTO MIMULUS - Exercício 6 da lista 6

*Felipe Maniero Nazato, Marisangela R. Santos e Diane Simon Rozzetto*

*30/04/2015*

## Contents

<b>Novo mapa genético construído</b>	<b>1</b>
<b>Escrever uma página (em inglês) que será incorporada ao novo manuscrito a ser submetido, descrevendo os dados (número de locos, tamanho amostral, etc) e como as análises foram feitas (item Material and Methods)</b>	<b>1</b>
<b>Apresentar uma Figura feita com boa definição com o novo mapa obtido, para ser incorporada ao manuscrito</b>	<b>1</b>
<b>Como as análises foram conduzidas (análises gráficas, resultados preliminares, critérios estatísticos, decisões tomadas em cada etapa, etc.)</b>	<b>2</b>

## Novo mapa genético construído

Agora com 287 indivíduos e 399 marcadores, um novo mapa genético foi obtido para a população  $F_2$  de *Mimulus*, que podem ser encontrados nos links abaixo:

[Mapa Genético simples](#)

[Heat maps - cromossomos 1 a 14](#)

**Escrever uma página (em inglês) que será incorporada ao novo manuscrito a ser submetido, descrevendo os dados (número de locos, tamanho amostral, etc) e como as análises foram feitas (item Material and Methods)**

A página do “Material and Methods” pode ser encontrada no link

**Apresentar uma Figura feita com boa definição com o novo mapa obtido, para ser incorporada ao manuscrito**

A figura com boa definição do novo mapa obtido pode ser encontrada no link abaixo:

## Como as análises foram conduzidas (análises gráficas, resultados preliminares, critérios estatísticos, decisões tomadas em cada etapa, etc.)

Para esse estudo de mapeamento, foram utilizados 287 indivíduos de uma população  $F_2$  originada de um cruzamento interespecífico. Inicialmente esses indivíduos foram genotipados para 418 marcadores, sendo 213 marcadores com segregação do tipo 1:2:1 (co-dominantes) e 205 marcadores do tipo 3:1 (dominantes). Desses marcadores, sete (AA208, BB327, BB279, CA392, BC135, CC371, MgSTS23) foram descartados pois não se “encaixaram” em nenhum grupo de ligação.

Para construção do mapa de ligação, foi utilizado o pacote OneMap (Margarido et al. 2007) disponível para o software R versão 3.2.0 (R Development Core Team, 2015) em conjunto com o software RStudio. Primeiramente foram estimadas as frações de recombinação entre todos os pares de marcadores (para todos os marcadores, dois a dois) utilizando o teste de dois pontos com a função “rf.2pts”. Como critérios para declarar ligação foram utilizados um  $LOD = 6$  e frequência de recombinação = 0.37, que são valores baseados no artigo de Fishman et al., (2001). Em seguida foi feita a atribuição dos marcadores aos respectivos grupos de ligação, através da utilização da função “group”. Para construção do mapa, foi utilizado o algoritmo Rapid Chain Delineation (RCD) em conjunto com o comando “ripple” para ordenar os marcadores da melhor forma possível (em função da melhor verossimilhança de suas posições). Foi utilizada a função Kossambi com o uso do comando `set.map.fun(type=“kosambi”)` que permitiu somar as distâncias entre os marcadores para confecção do mapa final.

Na primeira tentativa de construção do mapa, foram formados 10 grupos de ligação.

Os comandos e as saídas completas da primeira tentativa estão disponíveis no link

[Primeira tentativa](#)

No entanto, de acordo com o trabalho de Fishman et al. (2001), realizado com a mesma espécie, é de conhecimento que a espécie *mimulus* contém 14 cromossomos, ou seja, eram para ser formados 14 grupos de ligação. Então os critérios de declaração de ligação foram reestabelecidos e dois grupos (Grupo 1 e Grupo 3) foram divididos, cada um, em três grupos com menor número de marcadores.

A divisão dos grupos 1 e 3 foram baseadas na observação de seus respectivos “HeatMaps” e pode ser visualizada nos seguintes links

[Divisão do Grupo 1](#)

[Divisão do Grupo 3](#)

Após a divisão desses grupos, foram então obtidos 14 grupos de ligação totais. Os marcadores foram ordenados novamente para cada grupo de ligação utilizando o algoritmo RCD e o comando RIPPLE. Novos mapas de ligação foram obtidos para cada um dos 14 grupos de ligação.

Os comandos para a reordenação dos marcadores em 14 grupos de ligação podem ser encontradas no seguinte link [Segunda tentativa]

Por fim, de acordo com os heatmaps gerados para cada grupo de ligação foram excluídos os marcadores que apresentaram evidências de que não pertenciam ao referido grupo de ligação. Também foram renomeados os grupos de ligação obtidos de acordo com o trabalho de Fishman et al., (2001), utilizando os marcadores descritos nesse trabalho para a comparação e direcionamento

Os comandos para exclusão dos marcadores e reorganização dos 14 grupos de ligação podem ser encontrados no seguinte link

[Terceira tentativa](#)

Como resultado final, foram obtidos 14 grupos de ligação e o mapa final foi construído utilizando o Software MapChart.

[Mapa Final]