

UMA ABORDAGEM BAYESIANA PARA MAPEAR QTL E DETECTAR EFEITOS EPISTÁTICOS EM UMA POPULAÇÃO DE MILHO

Andréia da Silva MEYER¹
Roseli Aparecida LEANDRO²
Antonio Augusto Franco GARCIA³
Anete Pereira de SOUZA⁴
Claudio Lopes de SOUZA JR³

- **RESUMO:** Muitos caracteres medidos em plantas e animais são de natureza quantitativa, ou seja, influenciados por múltiplos genes. Com o advento de novas técnicas moleculares tem sido possível mapear os locos que controlam tais caracteres, denominados QTLs (*Quantitative Trait Loci*). Mapear um QTL significa identificar sua posição no genoma, bem como, estimar seus efeitos genéticos e interações. A maior dificuldade para realizar o mapeamento de QTLs deve-se ao fato de que seu número é desconhecido e, conseqüentemente, a dimensão do espaço paramétrico também é desconhecida. Métodos Bayesianos juntamente com método Monte Carlo com Cadeias de Markov (MCMC), têm sido implementados para inferir conjuntamente o número de QTLs, suas posições no genoma e os seus efeitos genéticos. O desafio está em obter a amostra da distribuição conjunta a *posteriori* desses parâmetros, uma vez que o número de QTLs pode ser considerado desconhecido e a dimensão do espaço paramétrico muda de acordo com o número de QTLs presente no modelo. No presente trabalho foi utilizada uma abordagem bayesiana para mapear QTLs para caracteres numa população de milho tropical: altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e produção de grãos. Para tanto, foram considerados múltiplos QTLs e efeitos de epistasia no modelo e o número de QTLs foi tratado como conhecido. Os métodos MCMC foram utilizados para gerar uma amostra da distribuição conjunta a *posteriori* dos parâmetros. Foram ajustados modelos com números crescentes de QTLs e o fator de Bayes foi utilizado para selecionar o modelo mais adequado e conseqüentemente, para estimar o número de QTLs que controlam os caracteres de interesse. Os resultados obtidos no presente trabalho foram comparados com os resultados obtidos pelo método frequentista para mapear QTLs.
- **PALAVRAS-CHAVE:** Fator de Bayes; inferência Bayesiana; MCMC; mapeamento de QTL.

¹São Paulo State University - UNESP, Faculty of Agriculture and Veterinary - FCAV, Department of Exact Sciences, Jaboticabal, SP, Brazil. E-mail: andreiameyer@fcav.unesp.br

²University of São Paulo - USP, ESALQ, Department of Exact Sciences, Piracicaba, SP, Brazil. E-mail: raleandr@usp.br

³University of São Paulo - USP, ESALQ, Department of Genetics, Piracicaba, SP, Brazil. E-mail: augusto.garcia@usp.br / lsouza@usp.br

⁴University of Campinas - UNICAMP, Biology Institute and Molecular Biology Center and Genetic Engineering, Department of Plant Biology, Campinas, SP, Brazil. E-mail: anete@unicamp.br