

Explorando a análise bayesiana de segregação alélica com dados simulados: contribuições para a investigação da origem dos genomas em espécies tetraplóides

A poliploidia é um importante fenômeno na evolução dos eucariotos, especialmente em plantas. O modo de origem de um tetraploide (autopoliploidia ou aloploidia) influencia o comportamento cromossômico e, consequentemente, o padrão de herança alélica destes indivíduos. A análise da segregação alélica com marcadores co-dominantes consiste em uma alternativa robusta para discriminar os diferentes padrões de herança, dissômico e tetrassômico, que indicam alo e autopoliploidia respectivamente. O método bayesiano é uma maneira apropriada para acessar este padrão de herança, entretanto suas limitações permanecem pouco exploradas. O objetivo deste estudo foi detectar, através da análise de progênies criadas por simulação oriundas de parentais com genótipos conhecidos, os tipos de cruzamentos entre parentais tetraploides que podem ser corretamente avaliados pela análise de segregação bayesiana. Além disso, determinar qual o número mais apropriado de indivíduos na progênie necessário para detectar o tipo de herança em cada cruzamento. Os resultados das simulações mostraram que a acurácia da análise foi afetada principalmente pelo número de alelos exclusivos nos parentais, ou seja, há uma relação direta entre o número de alelos existentes em somente um dos parentais e a capacidade de asserção do método. O desempenho também foi influenciado, em menor grau, pela distribuição dos alelos em doses múltiplas entre os parentais, isto é, estarem presentes em um só parental ou distribuídos entre os dois, o que aumenta e diminui a acurácia, respectivamente. Adicionalmente, quanto maior o número de alelos exclusivos entre os parentais, menor é o número de indivíduos da progênie que precisam ser analisados para identificar corretamente o padrão de herança do marcador. Estes resultados serão úteis na escolha de genótipos parentais adequados e do número amostral da progênie para a realização de análises de segregação, bem como garantirão maior confiança nestas análises, além de contribuir em investigações sobre a origem dos genomas em espécies poliplóides.