



Evento	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2013
Local	Porto Alegre - RS
Título	Generalização de Modelos de Segregação Alélica em Espécies Tetraplóides
Autor	FELIPE GRILLO PINHEIRO
Orientador	CLEBER BISOGNIN

A poliploidia é um fenômeno biológico caracterizado pela existência de mais de dois genomas nucleares (conjuntos de cromossomos) nas células de eucariotos. No caso da tetraploidia, os indivíduos possuem exatamente quatro conjuntos cromossômicos ($4n$), sendo dois deles de herança materna e os outros dois de herança paterna. Tetraploides podem ser classificados, segundo sua origem genômica, como auto ou alotetraploides, e a identificação dessa origem gera uma informação valiosa para garantir o tratamento adequado da espécie em programas de conservação. Diferentes padrões de segregação dos alelos (informação de uma porção do DNA) são esperados de acordo com a origem genômica da espécie, isto é, a maneira que a informação genética é herdada (como os alelos se combinam). Na linguagem estatística, a probabilidade da ocorrência de cada genótipo nos gametas difere entre auto e aloploidos. Se um parental tem o genótipo ABCD, para um determinado *locus* (região do genoma), e é autotetraploide, espera-se que ele produza os gametas AB, AC, ..., CD com igual probabilidade, pois o pareamento cromossômico é aleatório. Se for uma espécie alotetraploide, terá um dos seguintes pareamentos cromossômicos preferenciais: AB/CD (A e B do Genoma I e C e D do Genoma II), AC/BD ou AD/BC e produzirá gametas com probabilidades diferentes dentro de cada conformação. O objetivo deste estudo é generalizar um modelo de segregação alélica pré-existente na literatura ao incluir outros genótipos parentais que possuem alelos repetidos (por exemplo, ABCA, BBDD, ADDD, etc.), que apresentam menos genótipos nos gametas (menos classes). Além disso, avaliar o tamanho da amostra adequado, para cada genótipo parental, de modo a produzir estimativas corretas para os parâmetros, via simulação no software R. O modelo trata os genótipos dos gametas como categorias de uma distribuição multinomial, onde o vetor de probabilidades de cada categoria é uma função de cinco parâmetros (τ , β , δ_1 , δ_2 , e δ_3). O modelo original foi reproduzido no R e é caracterizado como um problema de otimização não-linear com restrições em igualdades e desigualdades não-lineares. A função objetivo (FO) é o $-\ln$ da função de verossimilhança multinomial. O pacote Rsolnp foi utilizado para realizar as minimizações da FO. Um *screening* inicial utilizando cinco conjunto de parâmetros como base para as simulações no caso ABCD será executado para verificar previamente o comportamento da média, variância, vício e erro quadrático médio (EQM) das estimativas dos parâmetros. A incorporação dos casos onde o genótipo parental possui alelos repetidos está sendo implementada.