



# **Ligação e Mapeamento Cromossômico**

# **LOCOS DE CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS**

## **HERANÇA QUANTITATIVA**

**Onde estão os genes que contribuem com as características quantitativas?**

## **MAPEAMENTO CROMOSSÔMICO**

# LOCOS DE CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS

## MAPEAMENTO DE QTLs

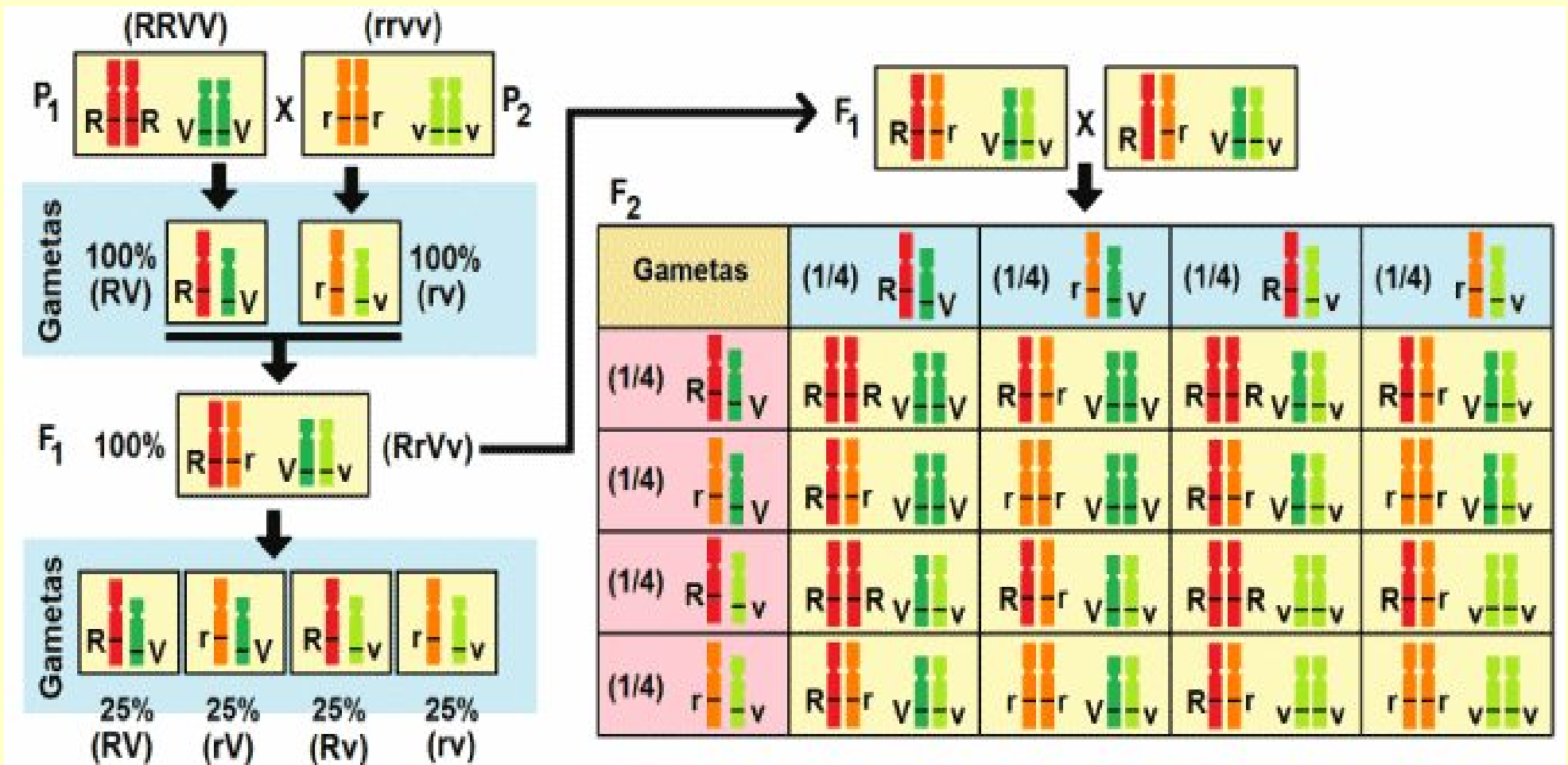
REQUER:

1. Cruzamento que resultará em uma população segregante;
2. Encontrar regiões conhecidas no genoma (mapa de ligação);
3. Correlação entre a característica fenotípica e as regiões genômicas

## MAPEAMENTO BASEADO EM DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

*Mas o que é um mapa de ligação?*

# SEGREGAÇÃO INDEPENDENTE



# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS

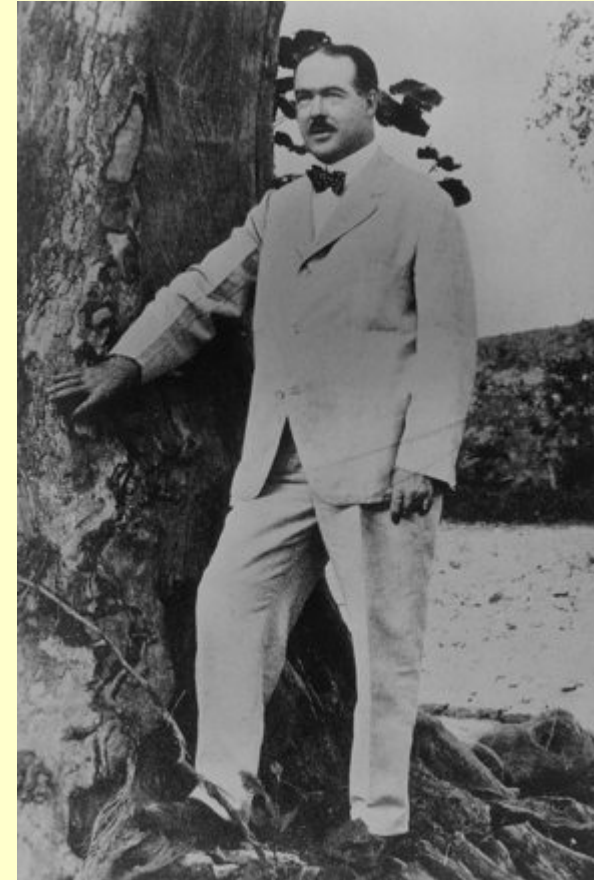
Segregação independente

VS

Desequilíbrio de ligação

## Walter Sutton (1903)

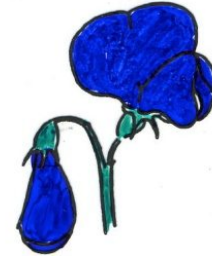
- Há mais que um par de fatores nos cromossomos
- Se os cromossomos retém permanentemente suas individualidades, então todos os [alelo]morfos representados por qualquer cromossomo devem ser herdados juntos



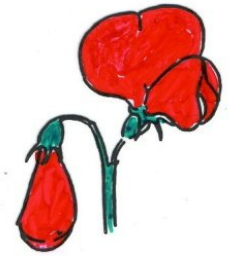
# Bateson, Saunders e Punnett (1906)



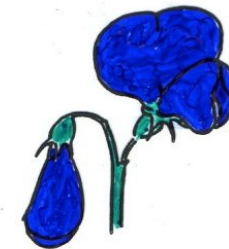
P



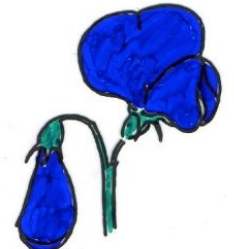
X



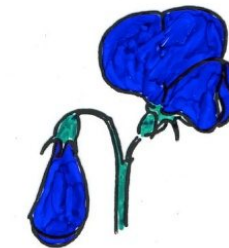
F<sub>1</sub>



X



F<sub>2</sub>



3

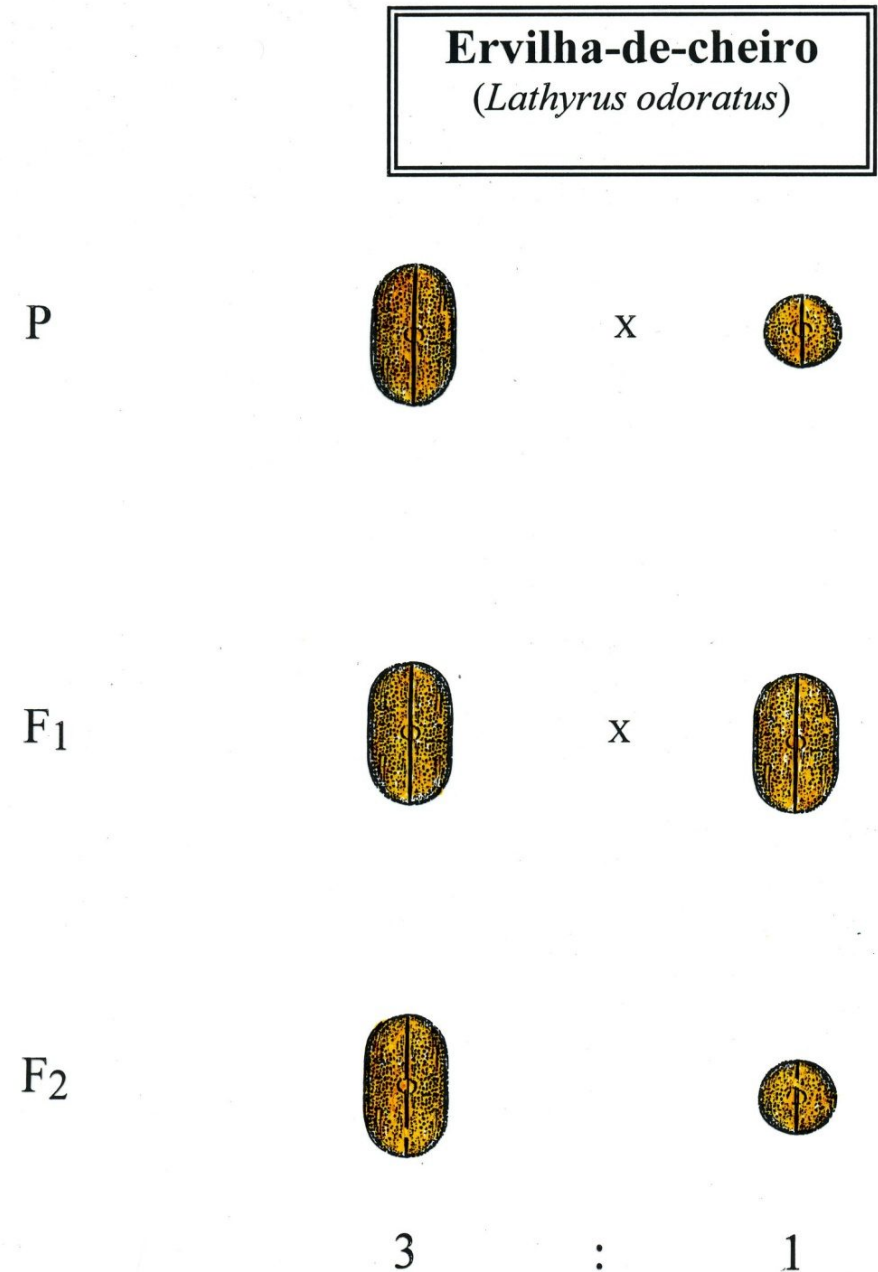
:

1

**Ervilha-de-cheiro**  
(*Lathyrus odoratus*)

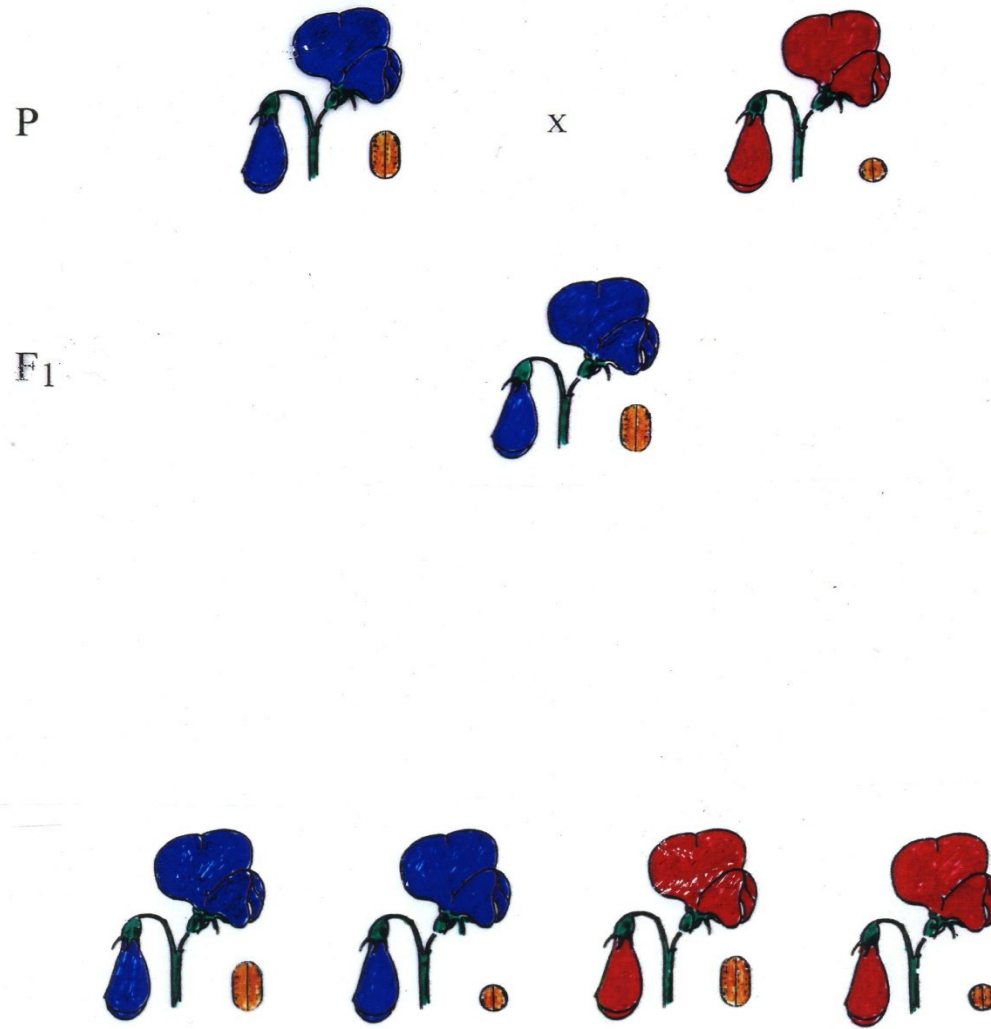
# Ervilha-de-cheiro (*Lathyrus odoratus*)

Bateson, Saunders  
e Punnett (1906)



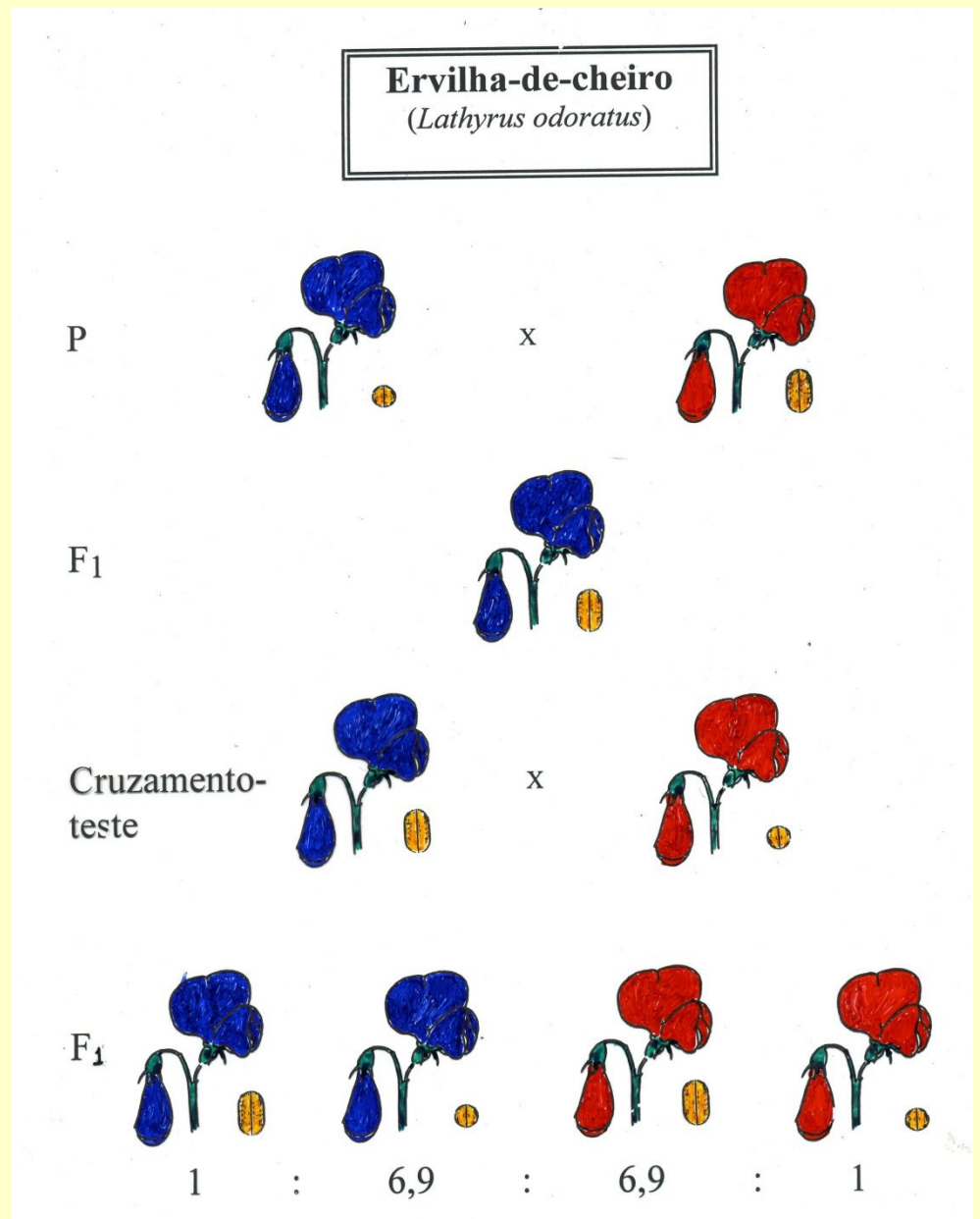
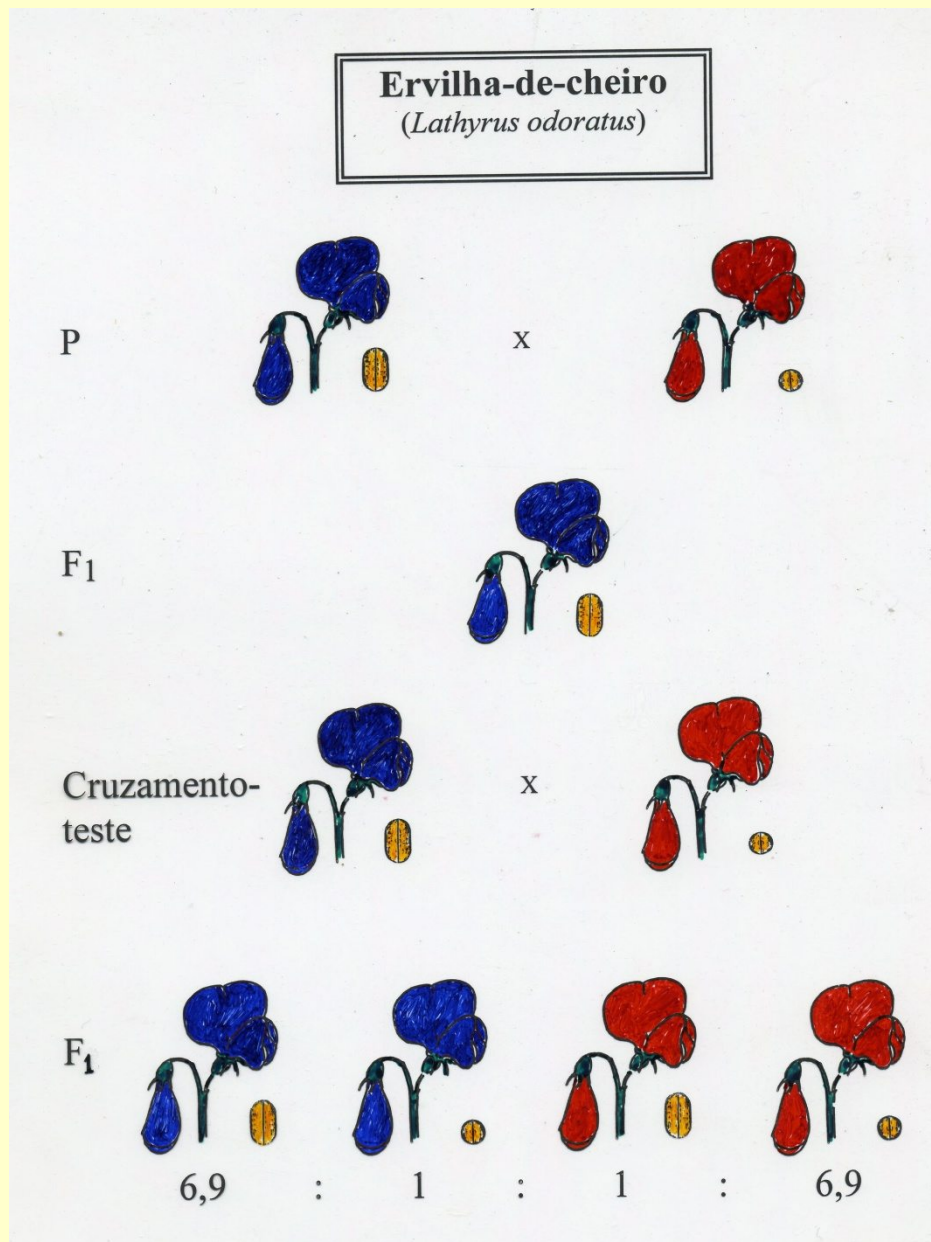


# **Ervilha-de-cheiro** *(Lathyrus odoratus)*

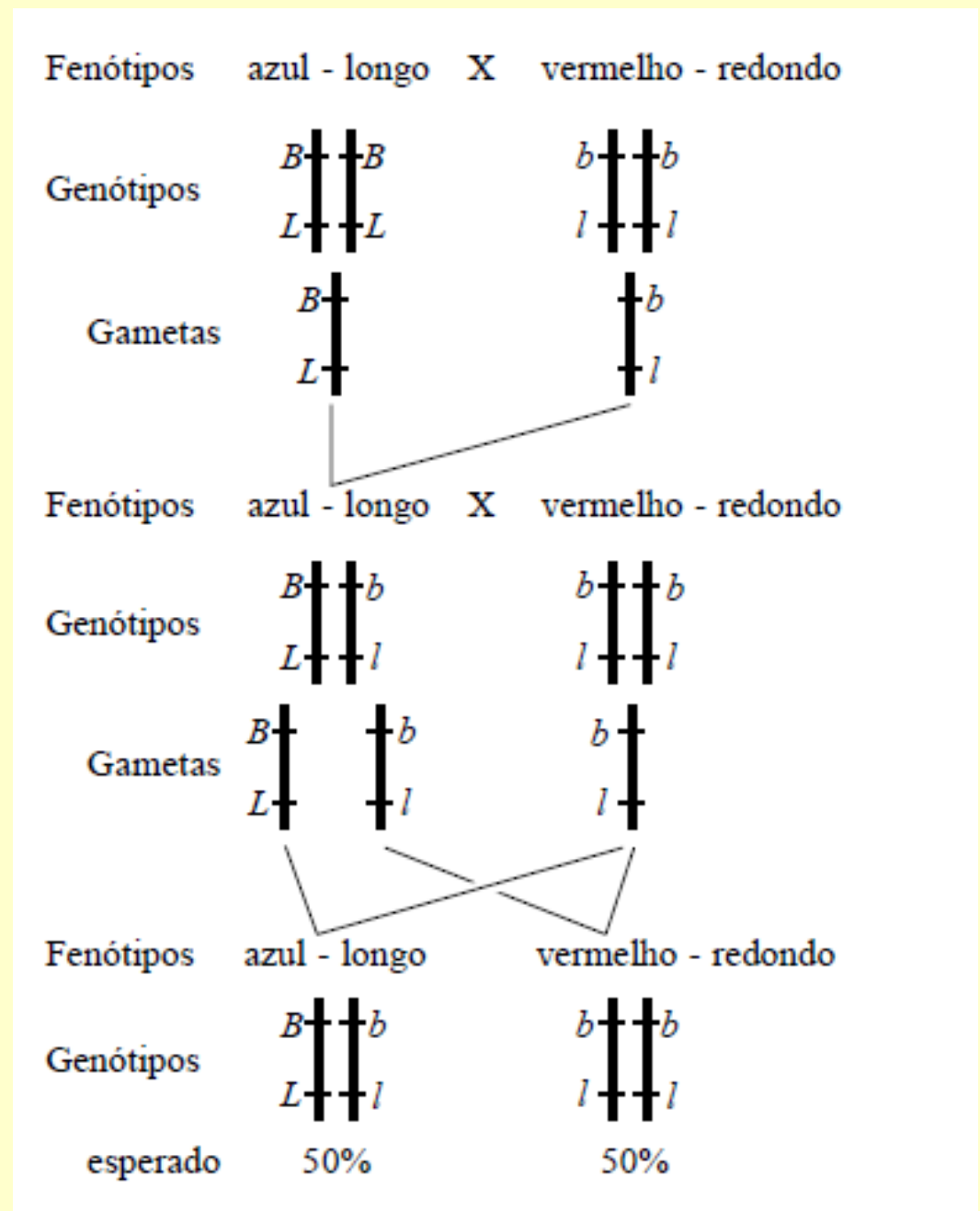


<b>Esperado</b>	<b>9</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>1</b>
<b>Encontrado</b>	<b>11,8</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>3,26</b>

# Acoplamento e repulsão

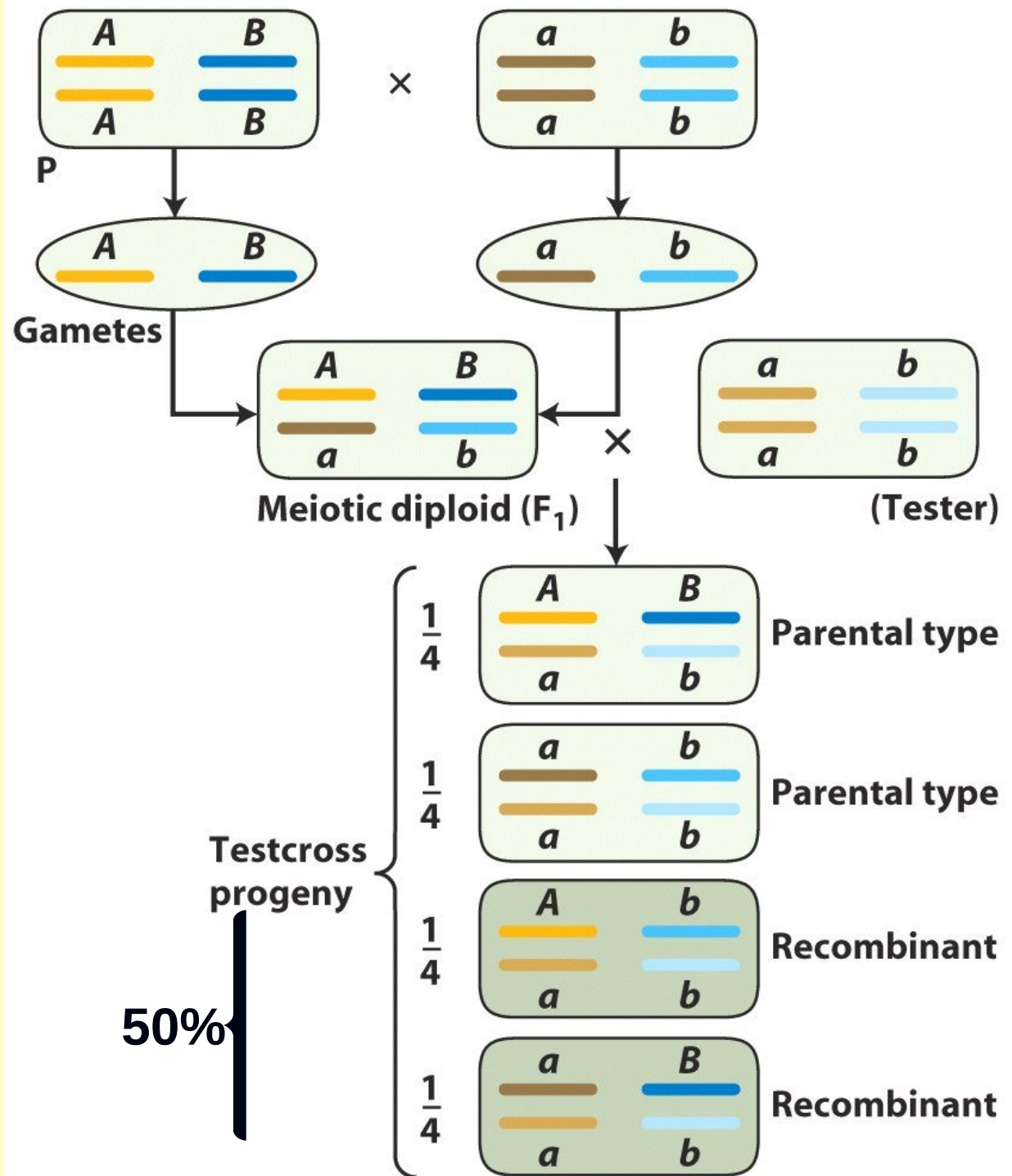


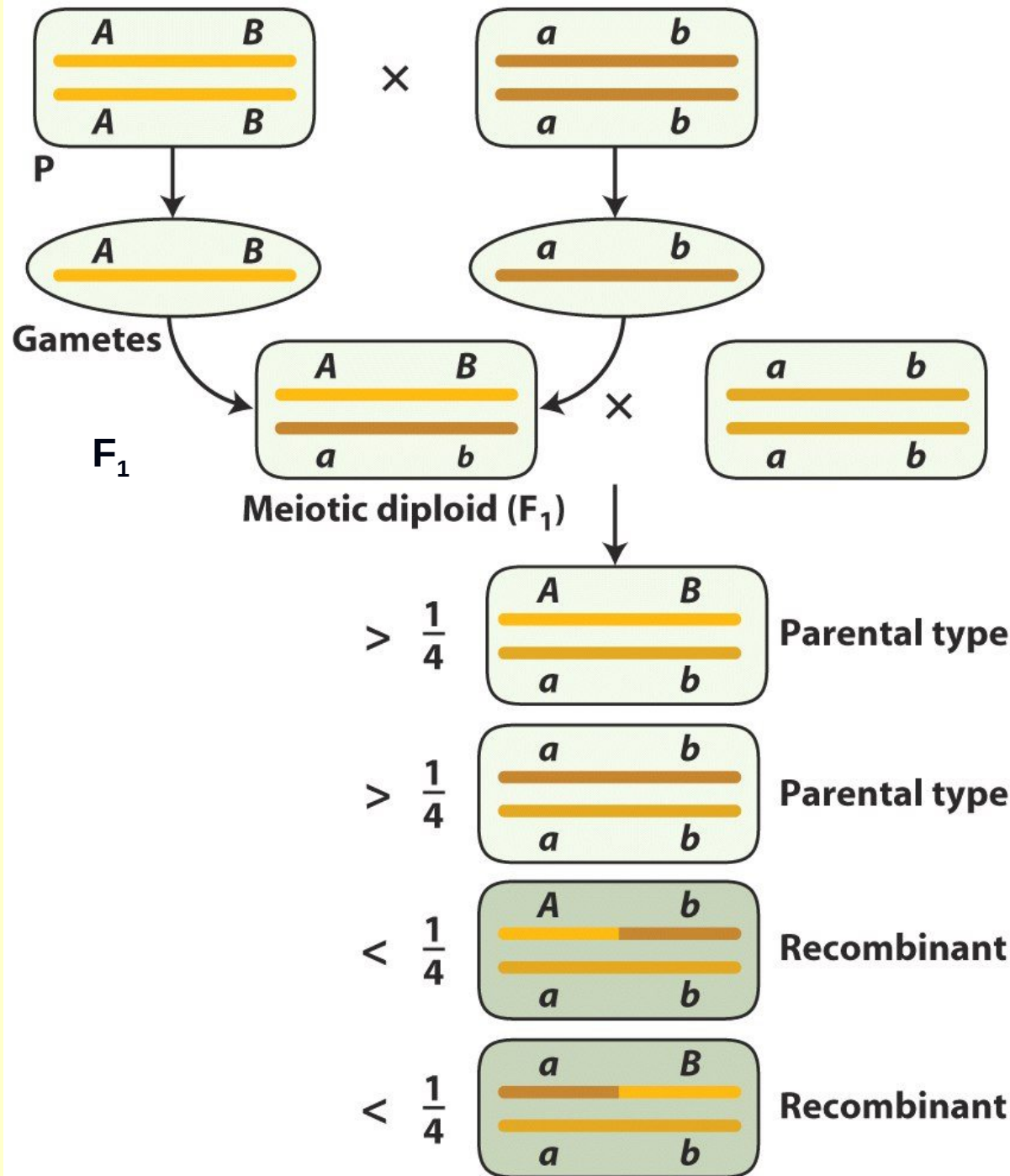
Testando a hipótese de Sutton de ligação total entre fatores



Ou seja, a hipótese de Sutton explica o acoplamento, mas...

cruzamento  
teste

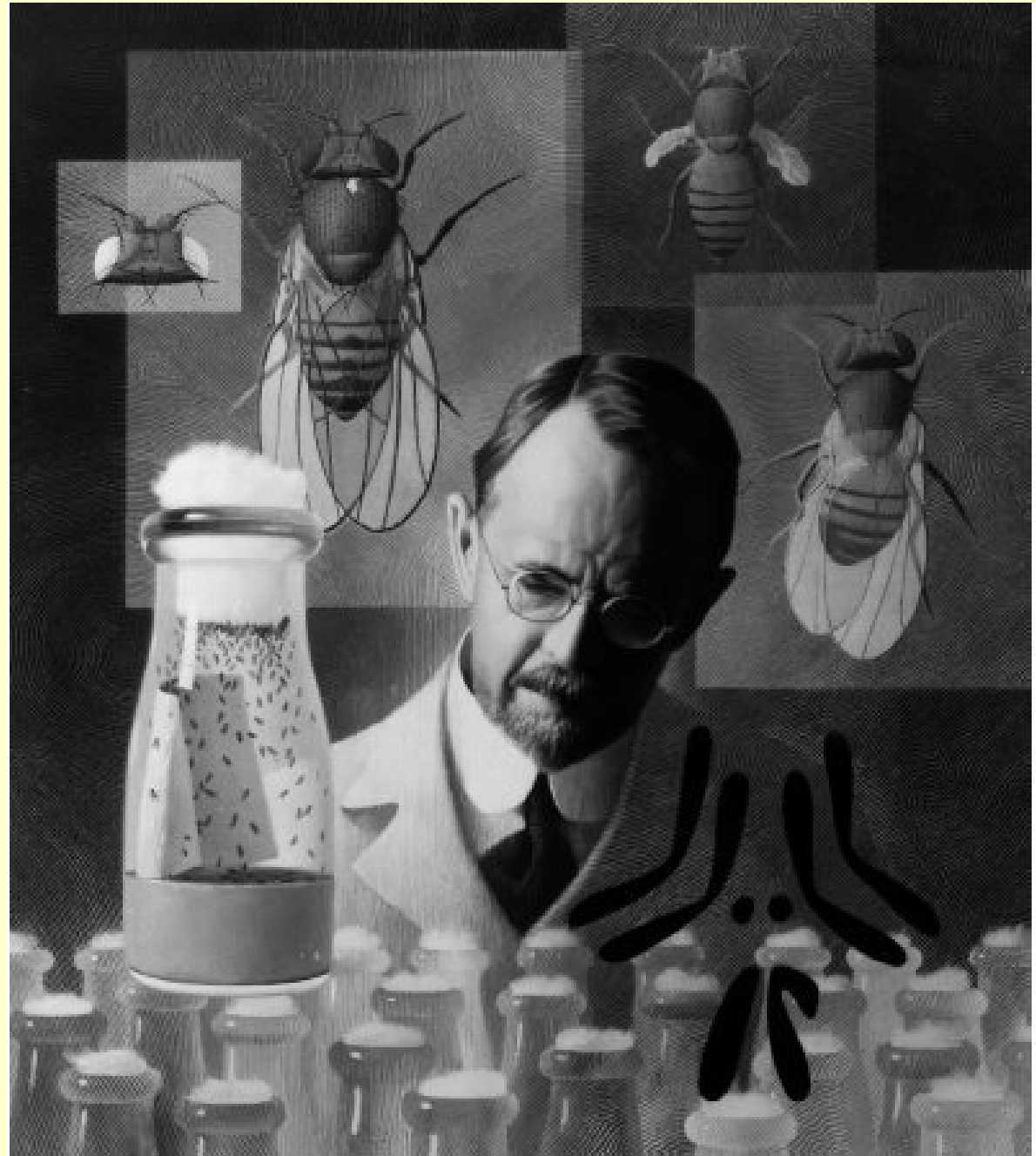




**Thomas Hunt  
Morgan**

**Nobel 1933**

**“The lord of the fly”**

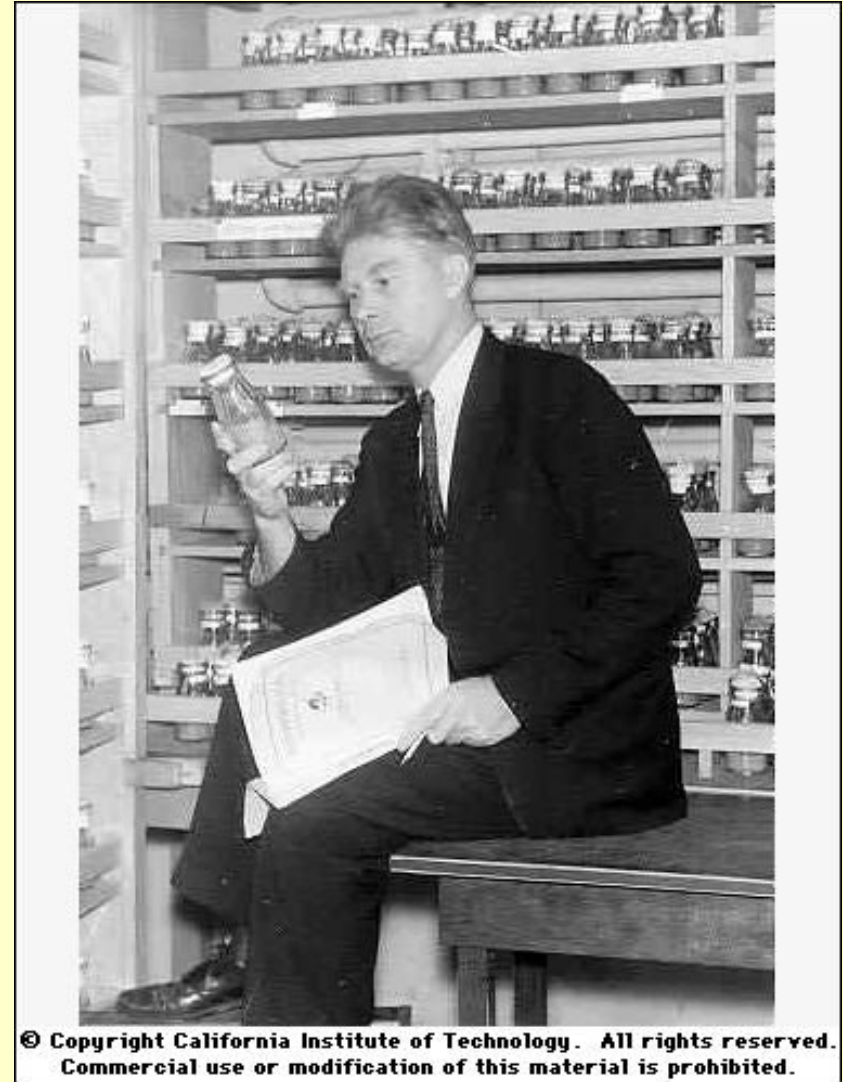




No “fly lab”



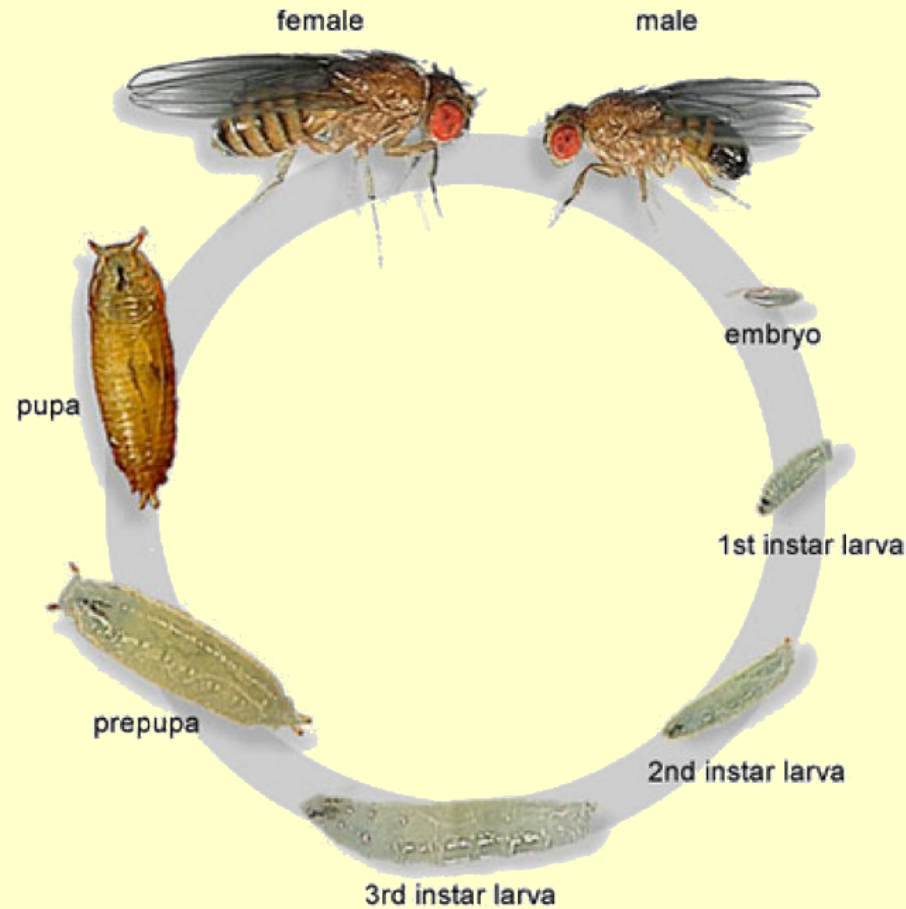
Alfred H. Sturtevant



Calvin Bridges

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS





# Em 1909 – Teoria de Quiasmatipia por Frans Alfons Jansseen

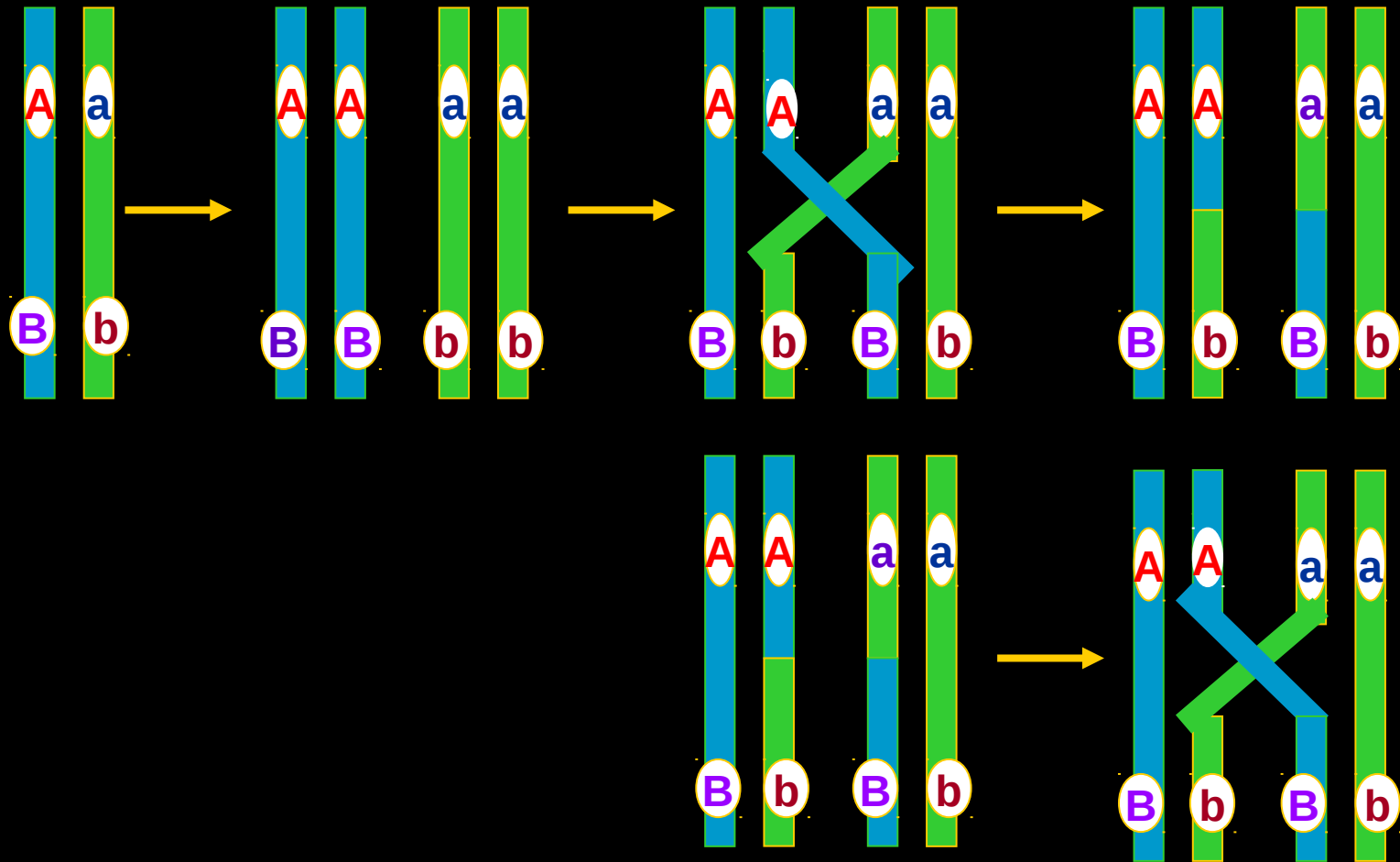


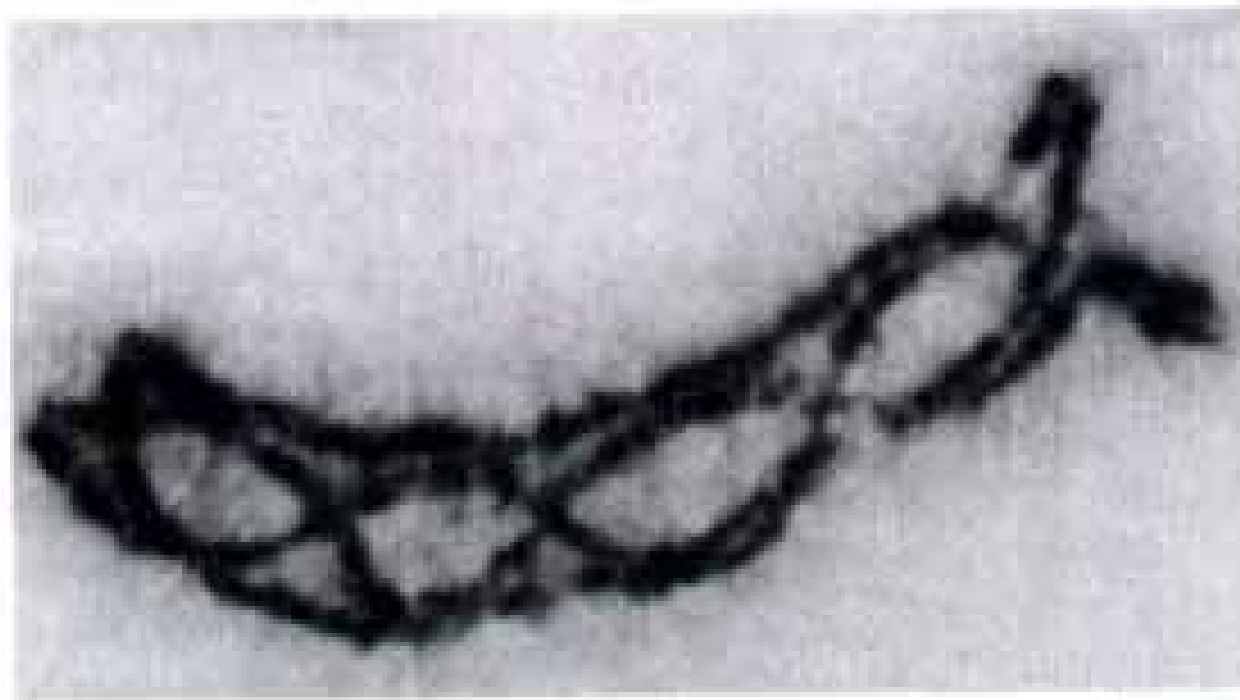
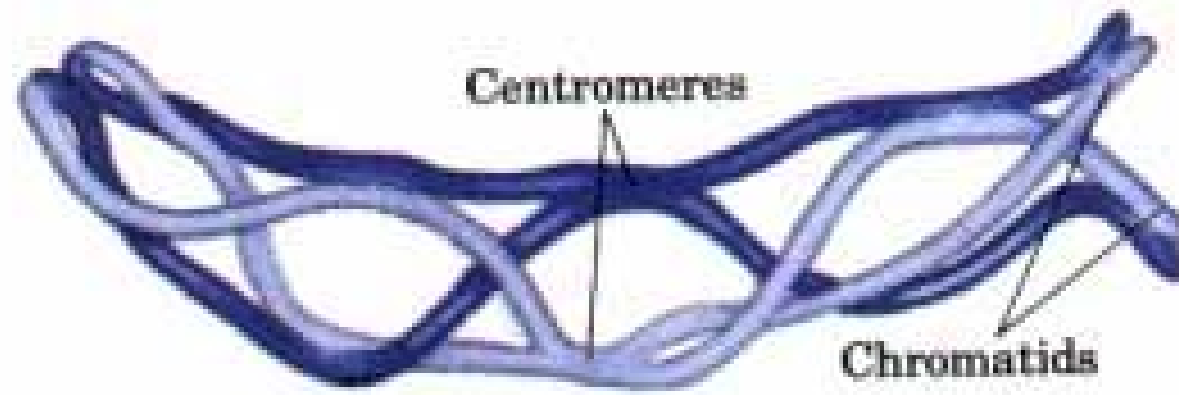
Na meiose as cromátides se enrolam e se quebram

Esses mosaicos formam “novas” cromátides

Uma hipótese correta baseada em interpretações erradas!!

# Teoria de Quiasmatipia





(a)

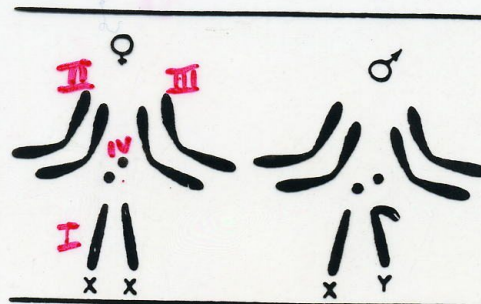
2  $\mu\text{m}$

# Primeiro mapa de ligação

GRUPO I	
Nome	Região afetada
<i>Abnormal</i>	Abdome
<i>Bar</i>	Olhos
<i>Bifid</i>	Veias das asas
<i>Bow</i>	Asas
<u><i>Cherry</i></u>	<u>Cor dos olhos</u>
<i>Chrome</i>	Cor do corpo
<i>Cleft</i>	Nervuras das asas
<i>Club</i>	Asas
<i>Depressed</i>	Asas
<i>Dotted</i>	Tórax
<i>Facet</i>	Omatídios
<i>Furrowed</i>	Olhos
<i>Fused</i>	Veias das asas
<i>Green</i>	Cor do corpo
<i>Jaunty</i>	Asas
<i>Lemon</i>	Cor do corpo
<i>Lethals. 13</i>	Morte
<i>Miniature</i>	Asas
<i>Notch</i>	Veias das asas
<i>Reduplicated</i>	Pernas
<u><i>Ruby</i></u>	<u>Cor dos olhos</u>
<i>Rudimentary</i>	Asas
<i>Sable</i>	Cor do corpo
<i>Shifted</i>	Veias das asas
<i>Short</i>	Asas
<i>Skee</i>	Asas
<i>Spoon</i>	Asas
<i>Spot</i>	Cor do corpo
<i>Tan</i>	Antenas
<i>Truncate</i>	Asas
<u><i>Vermilion</i></u>	<u>Cor dos olhos</u>
<u><i>White</i></u>	<u>Cor dos olhos</u>
<i>Yellow</i>	Cor do corpo

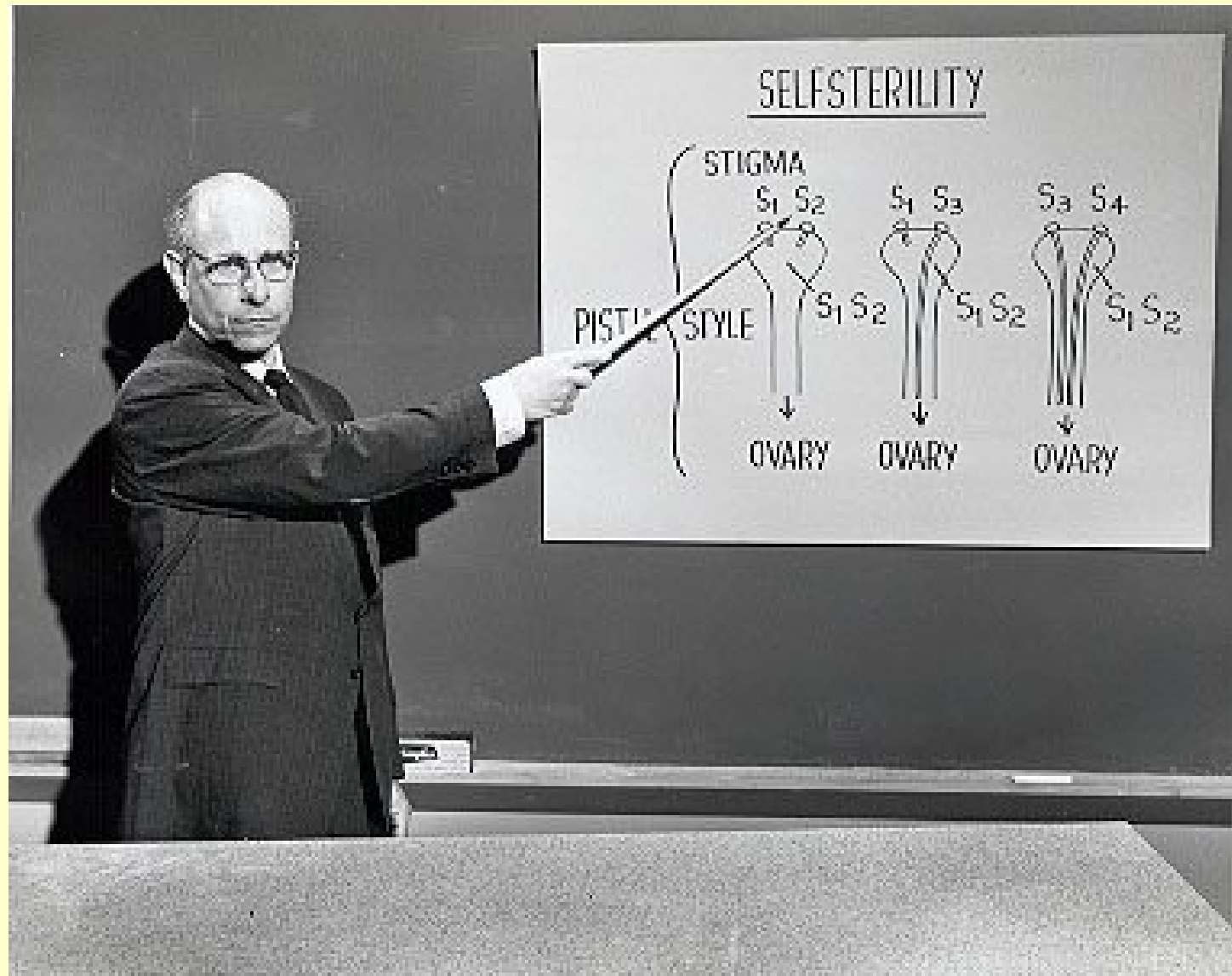
GRUPO II	
Nome	Região Afetada
<i>Antlered</i>	Asas
<i>Apterous</i>	Asas
<i>Arc</i>	Asas
<i>Balloon</i>	Veias das asas
<i>Black</i>	Cor do corpo
<i>Blistered</i>	Asas
<i>Comma</i>	Tórax
<i>Confluent</i>	Veias das asas
<u><i>Cream II</i></u>	<u>Cor dos olhos</u>
<i>Curved</i>	Asas
<i>Dachs</i>	Pernas
<i>Extra vein</i>	Veias das asas
<i>Fringed</i>	Asas
<i>Jaunty</i>	Asas
<i>Limited</i>	Faixa abdominal
<i>Littlecrossover</i>	Cromossomo II
<i>Morula</i>	Omatídios
<i>Olive</i>	Cor do corpo
<i>Plexus</i>	Veias das asas
<u><i>Purple</i></u>	<u>Cor dos olhos</u>
<i>Speck</i>	Tórax
<i>Strap</i>	Asas
<i>Streak</i>	Padrão do tórax
<i>Trefoil</i>	Padrão do tórax
<i>Truncate</i>	Asas
<i>Vestigial</i>	Asas

GRUPO III	
Nome	Região Afetada
<i>Band</i>	Padrão do tórax
<i>Beaded</i>	Asas
<u><i>Cream III</i></u>	<u>Cor dos olhos</u>
<i>Deformed</i>	Olhos
<i>Dwarf</i>	Tamanho do corpo
<i>Ebony</i>	Cor do corpo
<i>Giant</i>	Tamanho do corpo
<i>Kidney</i>	Olhos
<i>Low crossing -over</i>	Cromossomo III
<i>Maroon</i>	Cor dos olhos
<u><i>Peach</i></u>	<u>Cor dos olhos</u>
<u><i>Pink</i></u>	<u>Cor dos olhos</u>
<i>Rough</i>	Olhos
<u><i>Safranin</i></u>	<u>Cor dos olhos</u>
<u><i>Sepia</i></u>	<u>Cor dos olhos</u>
<i>Sooty</i>	Cor do corpo
<i>Spineless</i>	Cerdas
<i>Spread</i>	Asas
<i>Trident</i>	Padrão do tórax
<i>Truncate intensf.</i>	Asas
<i>Whitehead</i>	Cor pericelular
<i>White ocelli</i>	Ocelos

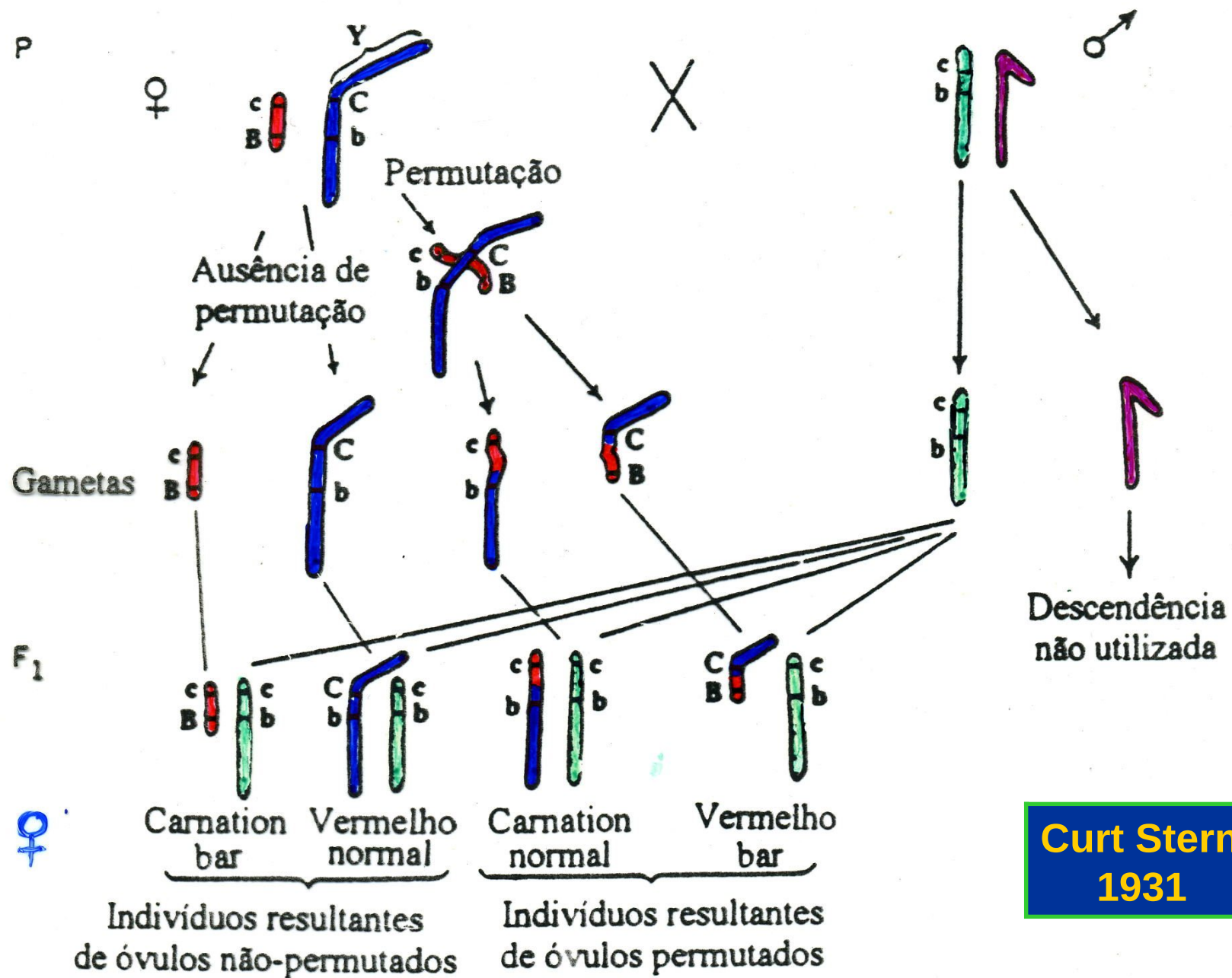


GRUPO IV	
Nome	Região Afetada
<i>Bent</i>	Asas
<i>Eyeless</i>	Olhos

**Curt Stern**  
**(1902-1981)**







**Curt Stern  
1931**

27.000 larvas, das quais 367 foram analisadas

# MAPAS DE LIGAÇÃO

Morgan, em 1910

Hipótese: “os fatores estariam localizados em lugares definidos nos cromossomos e dispostos em uma ordem linear.”

Então:

“para um determinado segmento de um par de cromossomos homólogos qualquer, a probabilidade de haver uma permutação entre suas cromátides não-irmãs dependeria do comprimento desse segmento.”

Sturtevant fez a seguinte dedução, 1912-1913

“Se a hipótese de Morgan estiver correta, a proporção de recombinantes pode ser usada como um indicador da distância entre dois fatores quaisquer.”

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS



Dois genes autossômicos:

GENE 1 -> cor do olho  
 $pr$  roxo;  $pr^+$  vermelho



GENE 2 -> comprimento da asa  
 $vg$  vestigial;  $vg^+$  normal

TIPO SELVAGEM DOMINANTE



# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS

P  $pr/pr \cdot vg/vg \times pr^+/pr^+ \cdot vg^+/vg^+$

Gametas  $pr \cdot vg \quad pr^+ \cdot vg^+$

F1 dihíbridos  $pr^+/pr \cdot vg^+/vg$

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS

Cruzamento  
teste       $pr^{+}/pr \cdot vg^{+}/vg$  x  $pr/pr \cdot vg/vg$

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS

Cruzamento  $pr^{+}/pr \cdot vg^{+}/vg$  x  $pr/pr \cdot vg/vg$   
teste

Classes de  
gametas

$pr^{+} \cdot vg^{+}$   
 $pr \cdot vg$   
 $pr^{+} \cdot vg$   
 $pr \cdot vg^{+}$

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS

Cruzamento  $pr^+/pr \cdot vg^+/vg$  x  $pr/pr \cdot vg/vg$   
teste

Classes de gametas	$pr^+ \cdot vg^+$	1339
	$pr \cdot vg$	1195
	$pr^+ \cdot vg$	151
	$pr \cdot vg^+$	154

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS

Cruzamento  $pr^+/pr \cdot vg^+/vg$  x  $pr/pr \cdot vg/vg$   
teste

Classes de gametas	$pr^+ \cdot vg^+$	1339
	$pr \cdot vg$	1195
	$pr^+ \cdot vg$	151
	$pr \cdot vg^+$	154

Desvio drástico da razão  
1:1:1:1

Seria possível explicar  
esse resultado?

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS

Outro  
cruzamento

$pr^{+}/pr^{+} \cdot vg/vg$  x  $pr/pr \cdot vg^{+}/vg^{+}$

F1

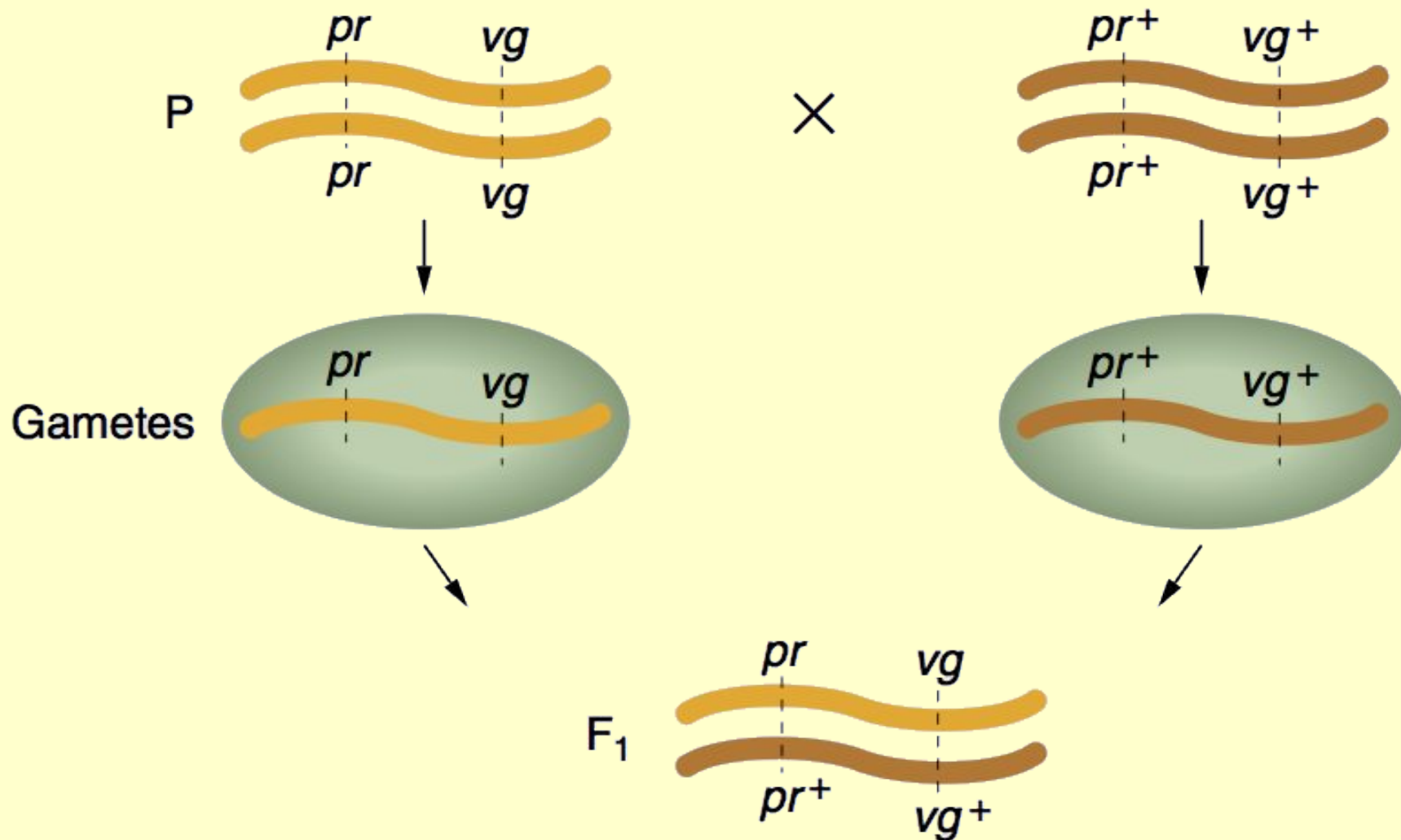
$pr^{+}/pr \cdot vg^{+}/vg$

Classes de  
gametas

$pr^{+} \cdot vg^{+}$	157
$pr \cdot vg$	146
$pr^{+} \cdot vg$	965
$pr \cdot vg^{+}$	1.067

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS



# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

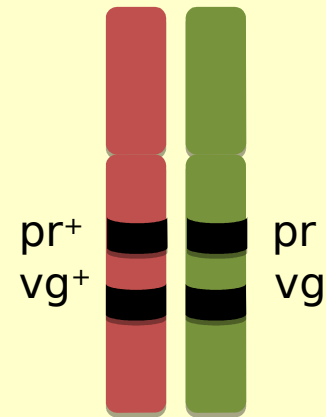
## GENES LIGADOS

Cruzamento  
teste

$pr^{+}/pr \cdot vg^{+}/vg$  x  $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de  
gametas

$pr^{+} \cdot vg^{+}$	1339
$pr \cdot vg$	1195
$pr^{+} \cdot vg$	151
$pr \cdot vg^{+}$	154





# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS

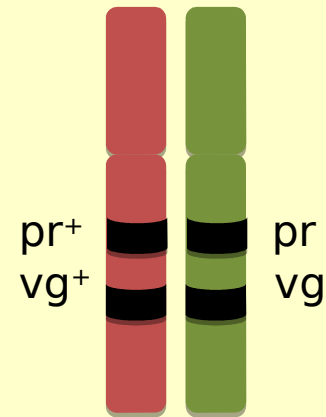
Cruzamento  
teste

$pr^{+}/pr \cdot vg^{+}/vg$  x  $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de  
gametas

$pr^{+} \cdot vg^{+}$	1339
$pr \cdot vg$	1195
$pr^{+} \cdot vg$	151
$pr \cdot vg^{+}$	154

**Recombinantes**



# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

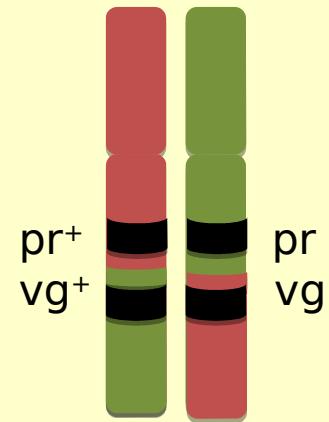
## GENES LIGADOS

Cruzamento  
teste

$pr^{+}/pr \cdot vg^{+}/vg$  x  $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de  
gametas

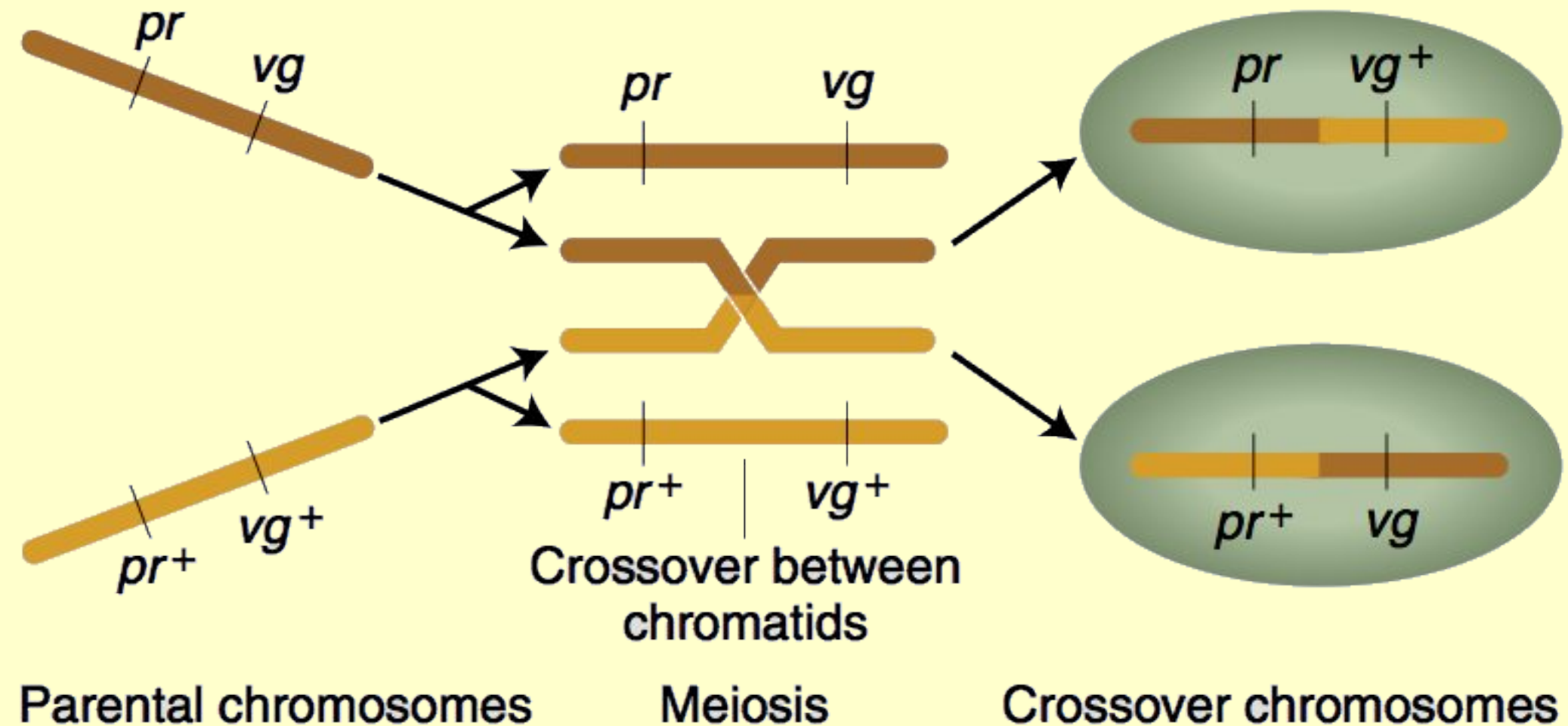
$pr^{+} \cdot vg^{+}$	1339
$pr \cdot vg$	1195
$pr^{+} \cdot vg$	151
$pr \cdot vg^{+}$	154



**Recombinantes**

# RECOMBINAÇÃO

## GENES LIGADOS



# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS

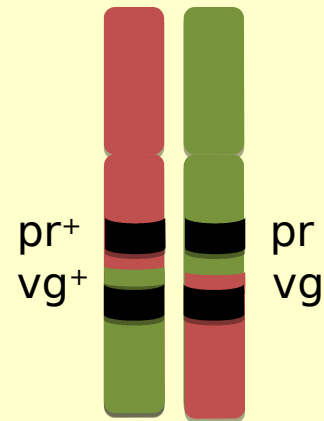
Cruzamento  
teste

$pr^{+}/pr \cdot vg^{+}/vg$  x  $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de  
gametas

$pr^{+} \cdot vg^{+}$	1339
$pr \cdot vg$	1195
$pr^{+} \cdot vg$	151
$pr \cdot vg^{+}$	154

**Recombinantes**



**Qual é a frequência de  
recombinação neste cruzamento?**

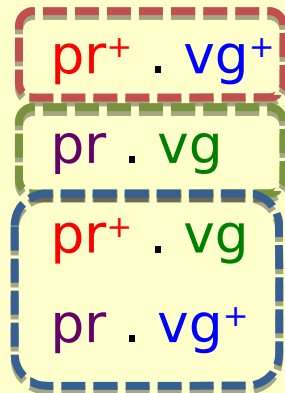
# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## GENES LIGADOS

Cruzamento  
teste

$pr^{+}/pr \cdot vg^{+}/vg$  x  $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de  
gametas



1339

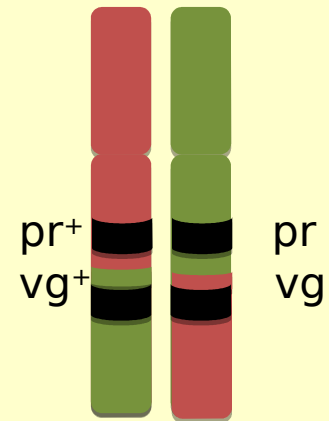
1195

151

154

**Recombinantes**

**2839**



# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

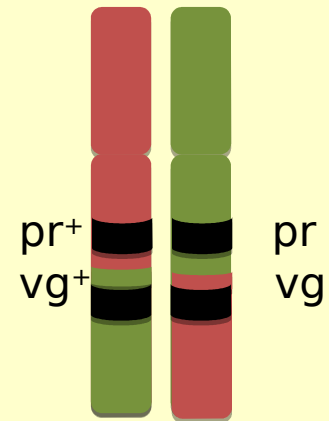
## GENES LIGADOS

Cruzamento  
teste

$pr^{+}/pr \cdot vg^{+}/vg$  x  $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de  
gametas

$pr^{+} \cdot vg^{+}$	1339
$pr \cdot vg$	1195
$pr^{+} \cdot vg$	151
$pr \cdot vg^{+}$	154
<b>Recombinantes</b>	<u>2839</u>



$$F_R = 151 + 154 / 2839 * 100 = 10,7 \%$$

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

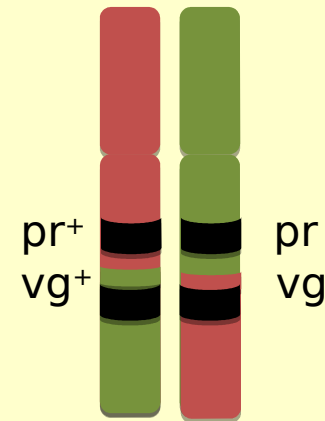
## GENES LIGADOS

Cruzamento  
teste

$pr^{+}/pr \cdot vg^{+}/vg$  x  $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de  
gametas

$pr^{+} \cdot vg^{+}$	1339
$pr \cdot vg$	1195
$pr^{+} \cdot vg$	151
$pr \cdot vg^{+}$	154
<b>Recombinantes</b>	<u>2839</u>



BASE DO  
MAPEAMENTO  
GENÉTICO

$$F_R = 151 + 154 / 2839 * 100 = 10,7 \%$$

# MAPA DE LIGAÇÃO

## CONSTRUINDO MAPAS LINEARES

Interestadual BR-050

CIDADES	DISTÂNCIA EM Km
Limeira - São Paulo	153
Limeira - Ribeirão Preto	166
Ribeirão Preto - Uberlândia	274
Ribeirão Preto - São Paulo	319
Uberlândia - Brasília	425
Uberlândia - Limeira	440
Uberlândia – São Paulo	593
Brasília - Ribeirão Preto	699
Brasília - Limeira	865



# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## MAPAS DE LIGAÇÃO

Fêmeas selvagens

X

Machos vermillion yellow

$$\begin{array}{cc} v^+ & y^+ \\ \hline v & y \end{array}$$
$$\begin{array}{cc} v & y \\ \hline v & y \end{array}$$

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## MAPAS DE LIGAÇÃO

Fêmeas selvagens

X

Machos vermillion yellow

$$\frac{v^+ \quad y^+}{v \quad y}$$
$$\frac{v \quad y}{v \quad y}$$

Parentais

$$\left\{ \begin{array}{ll} \frac{v^+ \quad y^+}{v \quad y} & \text{selvagem} \\ \frac{v \quad y}{v \quad y} & \text{vermilion yellow} \end{array} \right.$$

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## MAPAS DE LIGAÇÃO

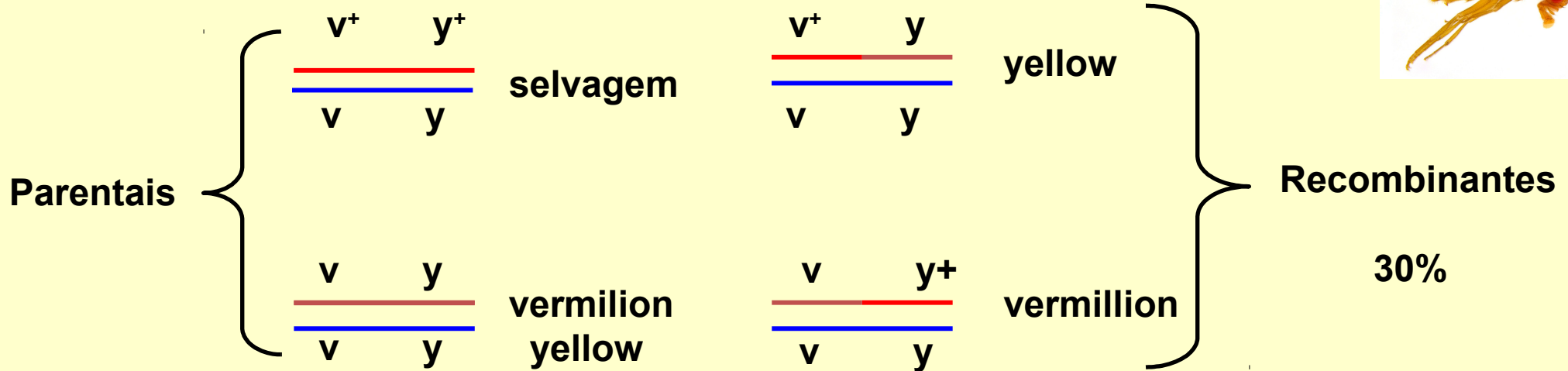
Fêmeas selvagens

X

Machos vermillion yellow

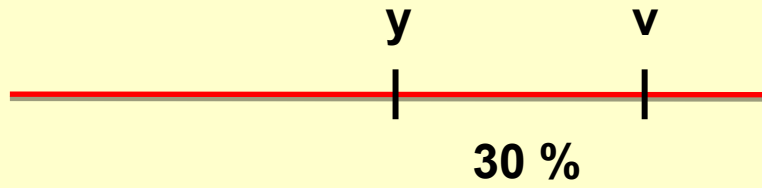
$$\frac{v^+ \quad y^+}{v \quad y}$$

$$\frac{v \quad y}{v \quad y}$$



# MAPA DE LIGAÇÃO

CROMOSSOMO X DE *Drosophila melanogaster*



y – m

33% recombinantes



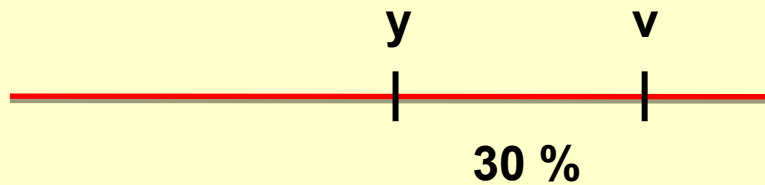
Olho vermillion v



Corpo yellow y

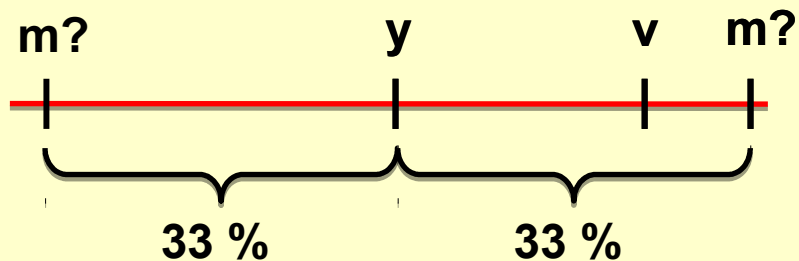
# MAPA DE LIGAÇÃO

CROMOSSOMO X DE *Drosophila melanogaster*



y – m

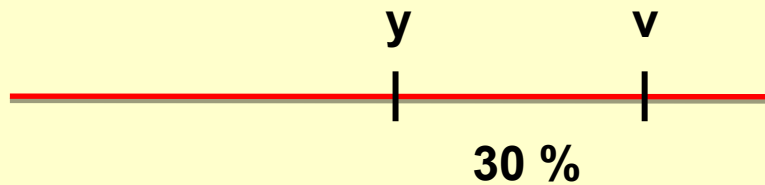
33% recombinantes



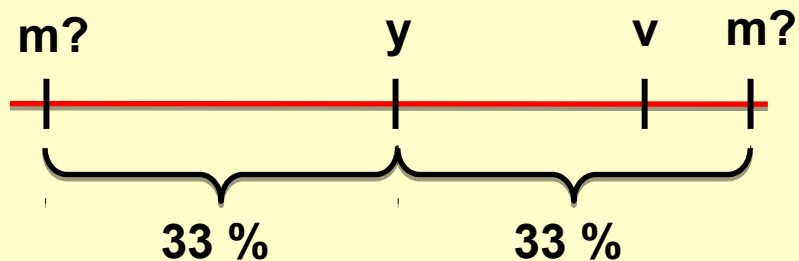
Asas miniature *m*

# MAPA DE LIGAÇÃO

CROMOSSOMO X DE *Drosophila melanogaster*



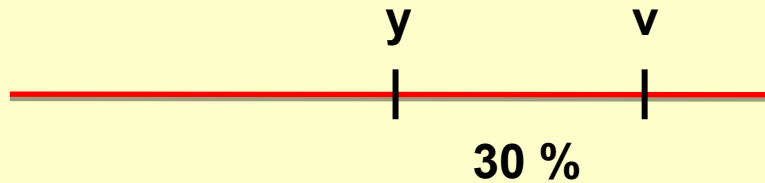
y – m      33% recombinantes



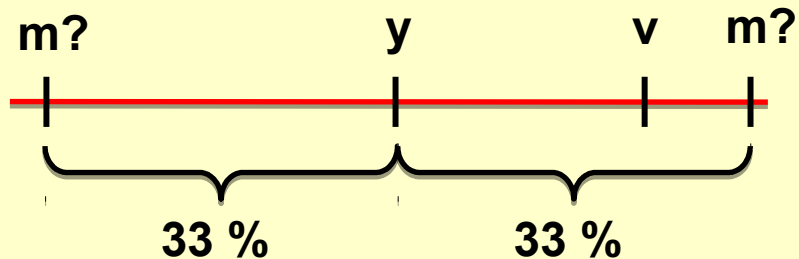
Testar   v - m

# MAPA DE LIGAÇÃO

CROMOSSOMO X DE *Drosophila melanogaster*



y – m      33% recombinantes

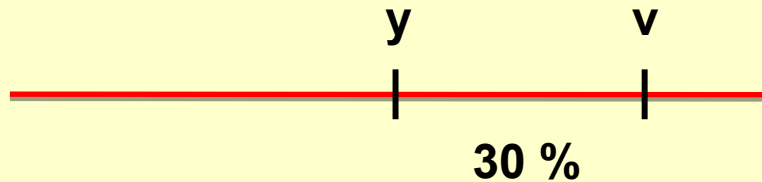


Testar v - m

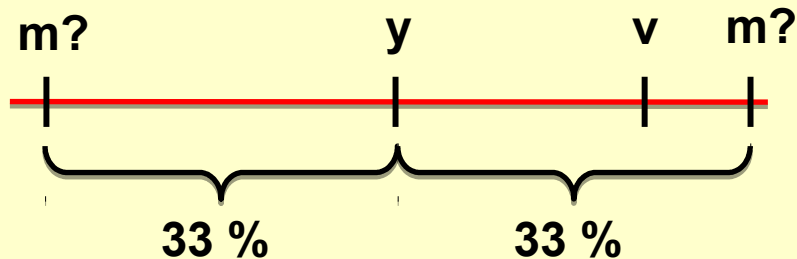
**v – m = 3% recombinantes**

# MAPA DE LIGAÇÃO

CROMOSSOMO X DE *Drosophila melanogaster*



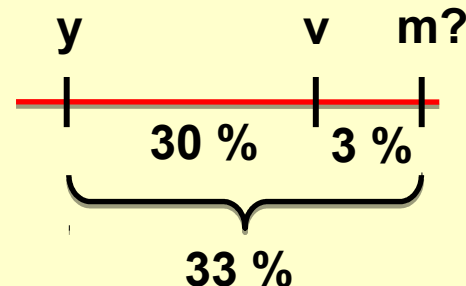
y – m      33% recombinantes



Testar v - m

**v – m = 3% recombinantes**

**Portanto:**










# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## MAPAS DE LIGAÇÃO

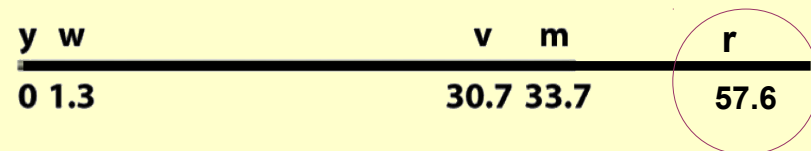
### Genes

m	Miniature wings	
v	Vermilion eyes	
w	White eyes	
y	Yellow body	
r	Rudimentary	

### Recombination frequencies

Between m and v	=	3.0%
Between m and y	=	33.7%
Between v and w	=	29.4%
Between w and y	=	1.3%

### Deduced map positions

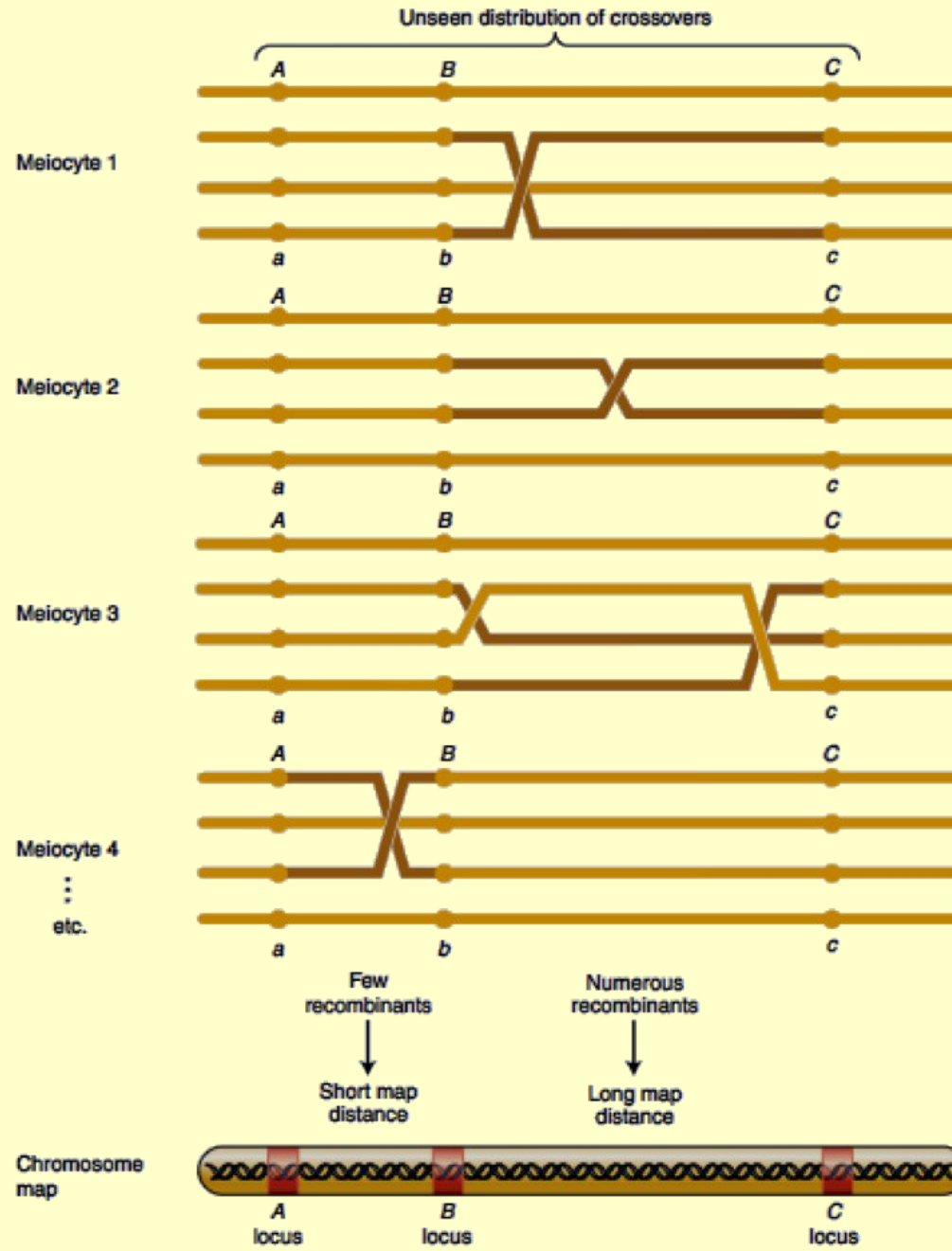


Se calculado diretamente

$$y-r = 55.4\% ??$$

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## MAPAS DE LIGAÇÃO



# MAPA DE LIGAÇÃO

## PERMUTAÇÕES DUPLAS

Como descobrir permutações duplas?

# MAPA DE LIGAÇÃO

## PERMUTAÇÕES DUPLAS

Fêmeas  
selvagens

y	w	m
<hr/>		
y <sup>+</sup>	w <sup>+</sup>	m <sup>+</sup>

x

y	w	m
<hr/>		

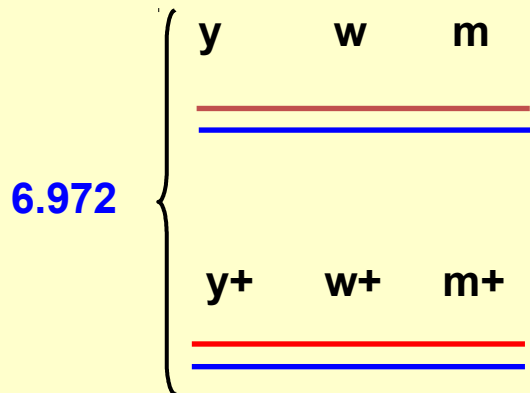
Machos yellow,  
white, miniature

# MAPA DE LIGAÇÃO

## PERMUTAÇÕES DUPLAS



**Parentais**



# MAPA DE LIGAÇÃO

## PERMUTAÇÕES DUPLAS

Fêmeas selvagens

y      w      m  
 \_\_\_\_\_  
 y+   w+   m+

x

y      w      m  
 \_\_\_\_\_

Machos yellow,  
white, miniature

Recombinantes

Parentais

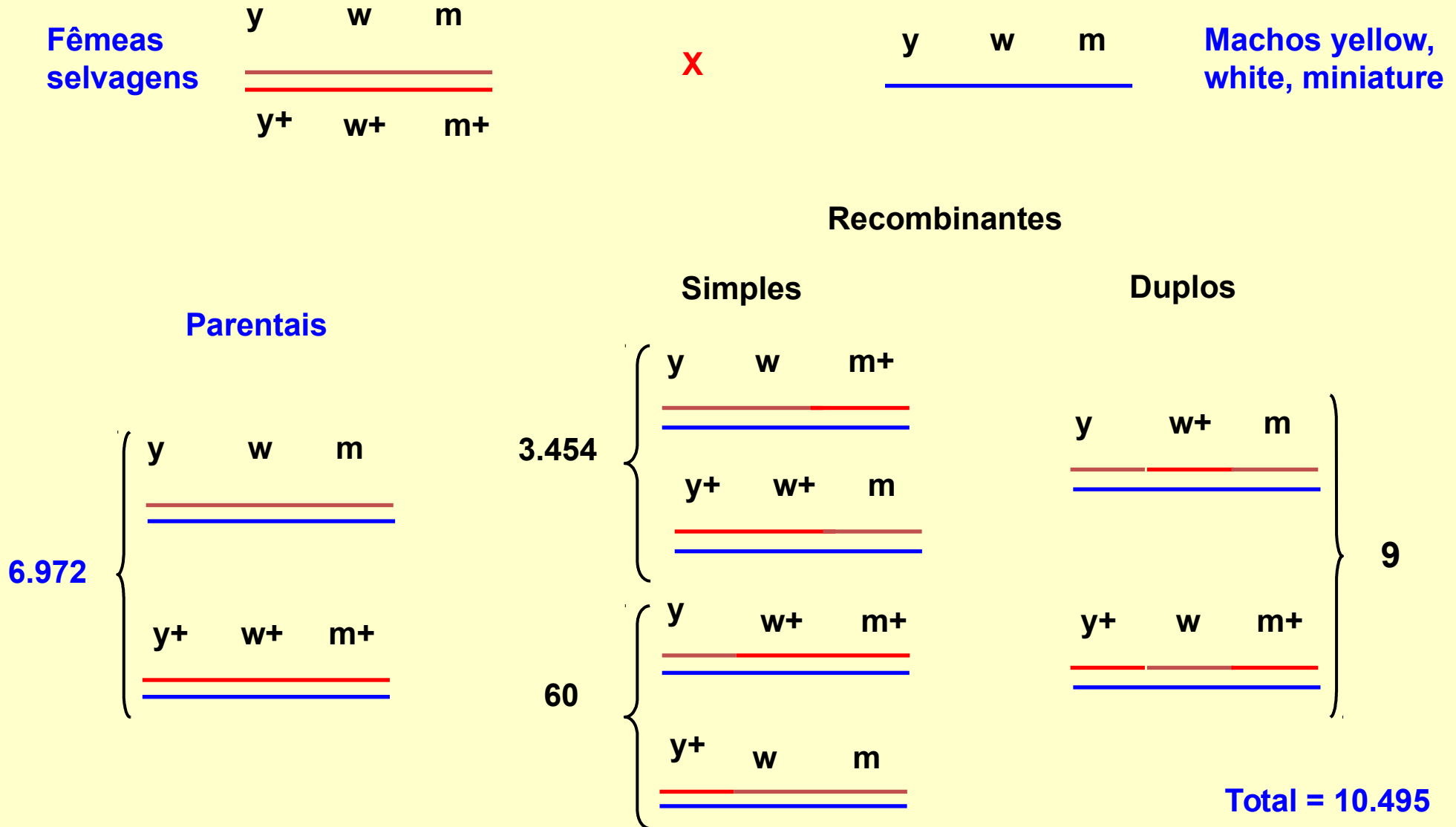
6.972 {  
 y      w      m  
 \_\_\_\_\_  
 y+   w+   m+

Simples

3.454 {  
 y      w      m+  
 \_\_\_\_\_  
 y+   w+   m  
 \_\_\_\_\_  
 60 {  
 y      w+   m+  
 \_\_\_\_\_  
 y+   w      m  
 \_\_\_\_\_

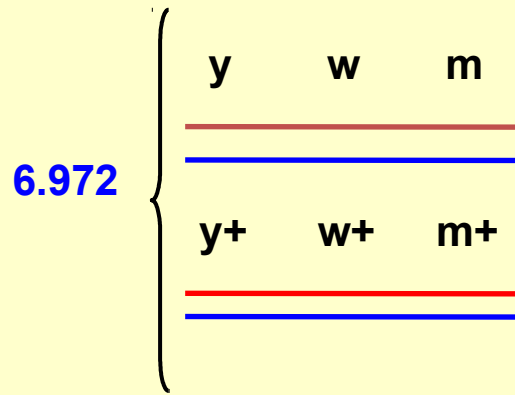
# MAPA DE LIGAÇÃO

## PERMUTAÇÕES DUPLAS

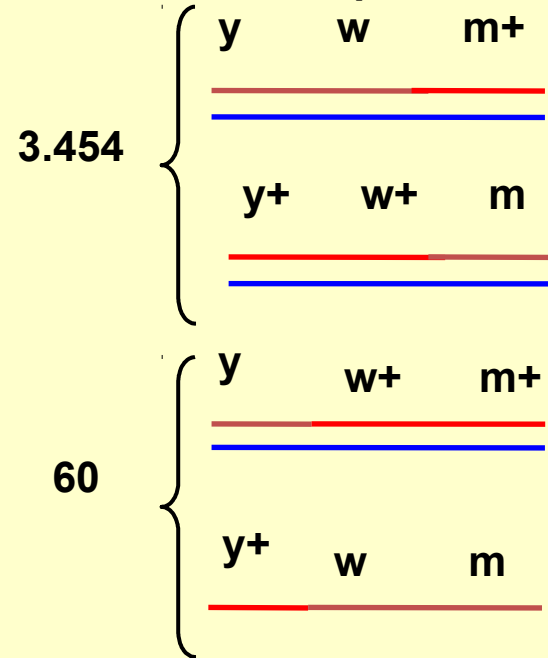


# Recombinantes

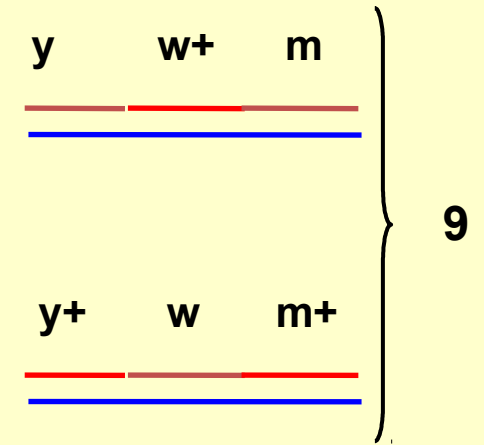
## Parentais



## Simplex



## Duplos



Total = 10.495

$w - m =$

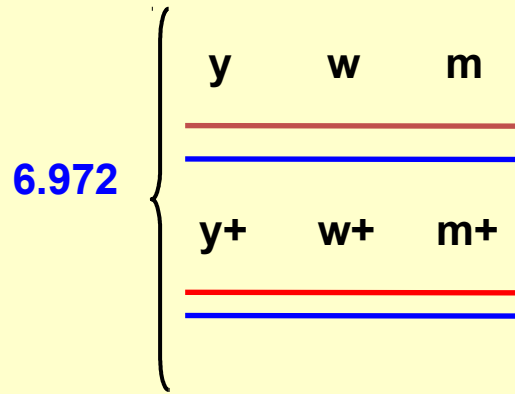
$y - w =$

$y - m =$

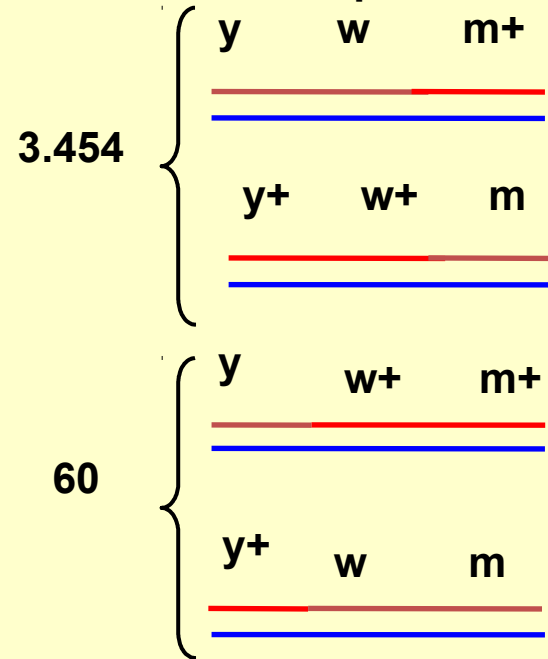


# Recombinantes

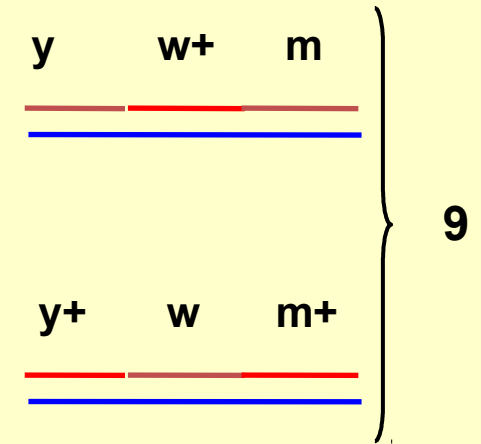
## Parentais



## Simples



## Duplos

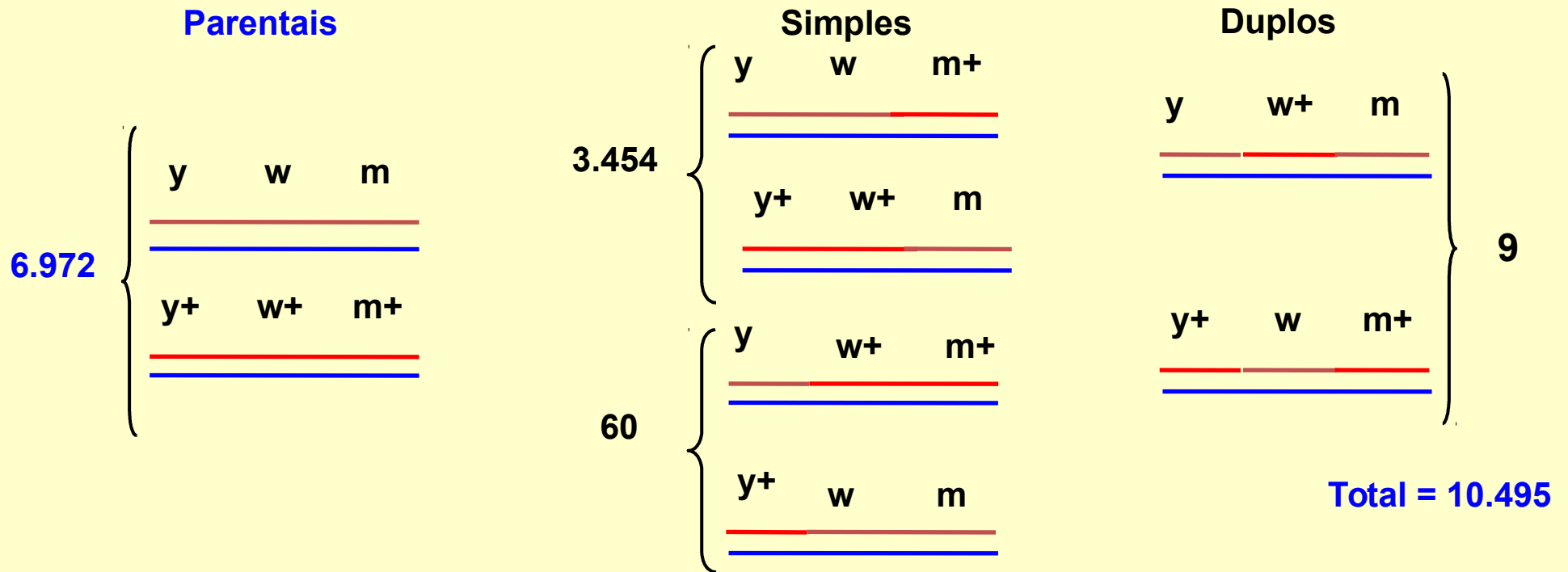


Total = 10.495

$$w - m = \frac{3454 + 9}{10495} = 0,330 \longrightarrow 33 \text{ cM}$$

$$y - w = \frac{60 + 9}{10495} = 0,0066 \longrightarrow 0,66 \text{ cM}$$

$$y - m =$$



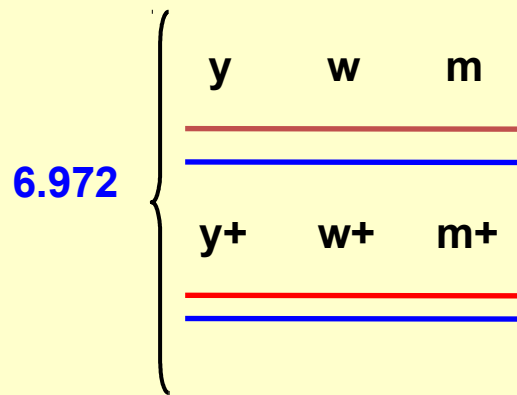
$$w - m = \frac{3454 + 9}{10495} = 0,330 \longrightarrow 33 \text{ cM}$$

$$y - w = \frac{60 + 9}{10495} = 0,0066 \longrightarrow 0,66 \text{ cM}$$

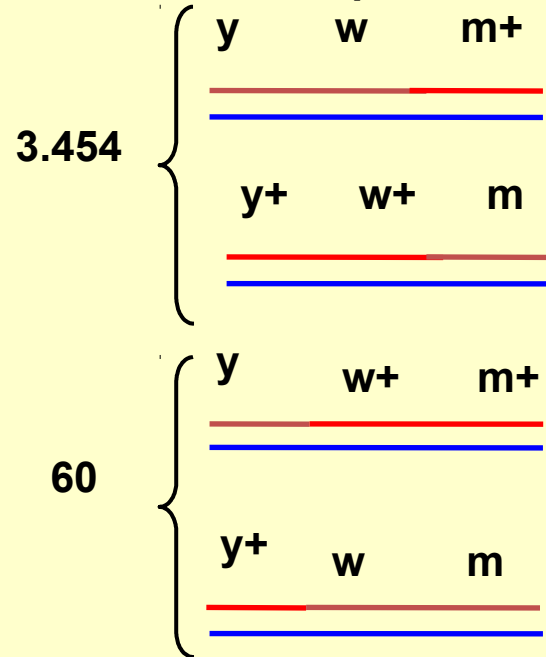
$$y - m = 0,0066 + 0,330 = 0,337 \longrightarrow 33,7 \text{ cM}$$

## Recombinantes

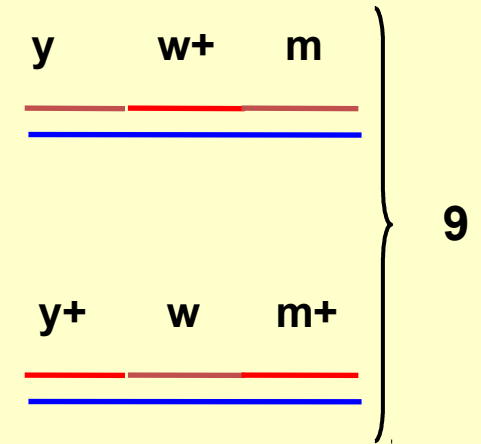
### Parentais



### Simples



### Duplos



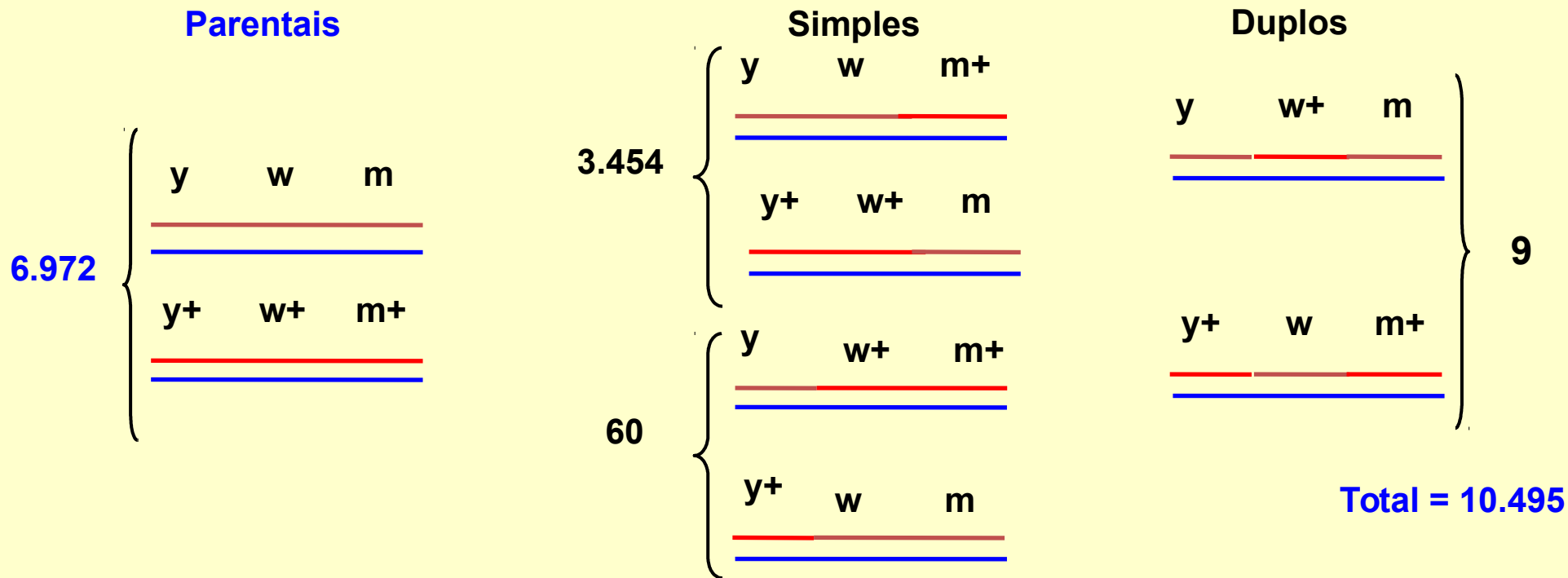
Total = 10.495

$$w - m = \frac{3454 + 9}{10495} = 0,330 \longrightarrow 33 \text{ cM}$$

$$y - w = \frac{60 + 9}{10495} = 0,0066 \longrightarrow 0,66 \text{ cM}$$

$$y - m = 0,0066 + 0,330 = 0,337 \longrightarrow 33,7 \text{ cM}$$

OU (calculando diretamente a distância entre y e m)



$$w - m = \frac{3454 + 9}{10495} = 0,330 \longrightarrow 33 \text{ cM}$$

$$y - w = \frac{60 + 9}{10495} = 0,0066 \longrightarrow 0,66 \text{ cM}$$

$$y - m = 0,0066 + 0,330 = 0,337 \longrightarrow 33,7 \text{ cM}$$

ou

$$y - m = \frac{3454 + 60 + 18}{10495} = 0,337 \longrightarrow 33,7 \text{ cM}$$

# **Coincidência e interferência**

(Muller, 1916)

**Coeficiente de Coincidência = C. C.**

$$\text{C.C.} = \frac{\text{Frequência relativa de duplo-recombinantes observada}}{\text{Frequência relativa de duplo-recombinantes esperada}}$$

$$\text{C. C.} = \frac{0,00085}{0,0066 \times 0,33} = 0,39 \quad 39\%$$

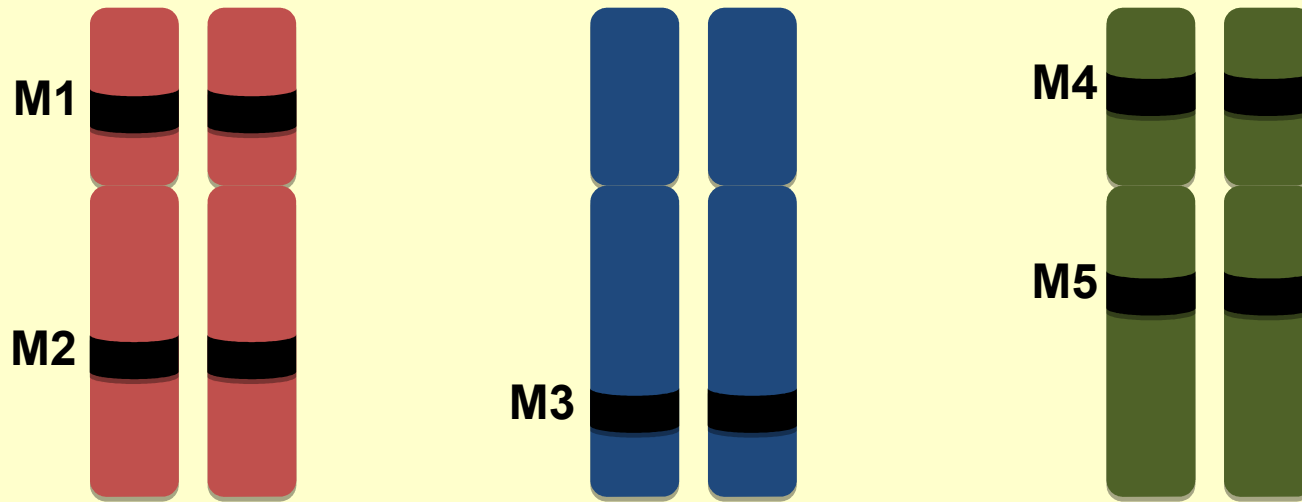
**Interferência = I**

**I = 1 – coeficiente de coincidência**

$$\text{I} = 1 - \text{C. C.} = 1 - 0,39 = 0,61 \quad 61\%$$

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## MAPAS DE LIGAÇÃO

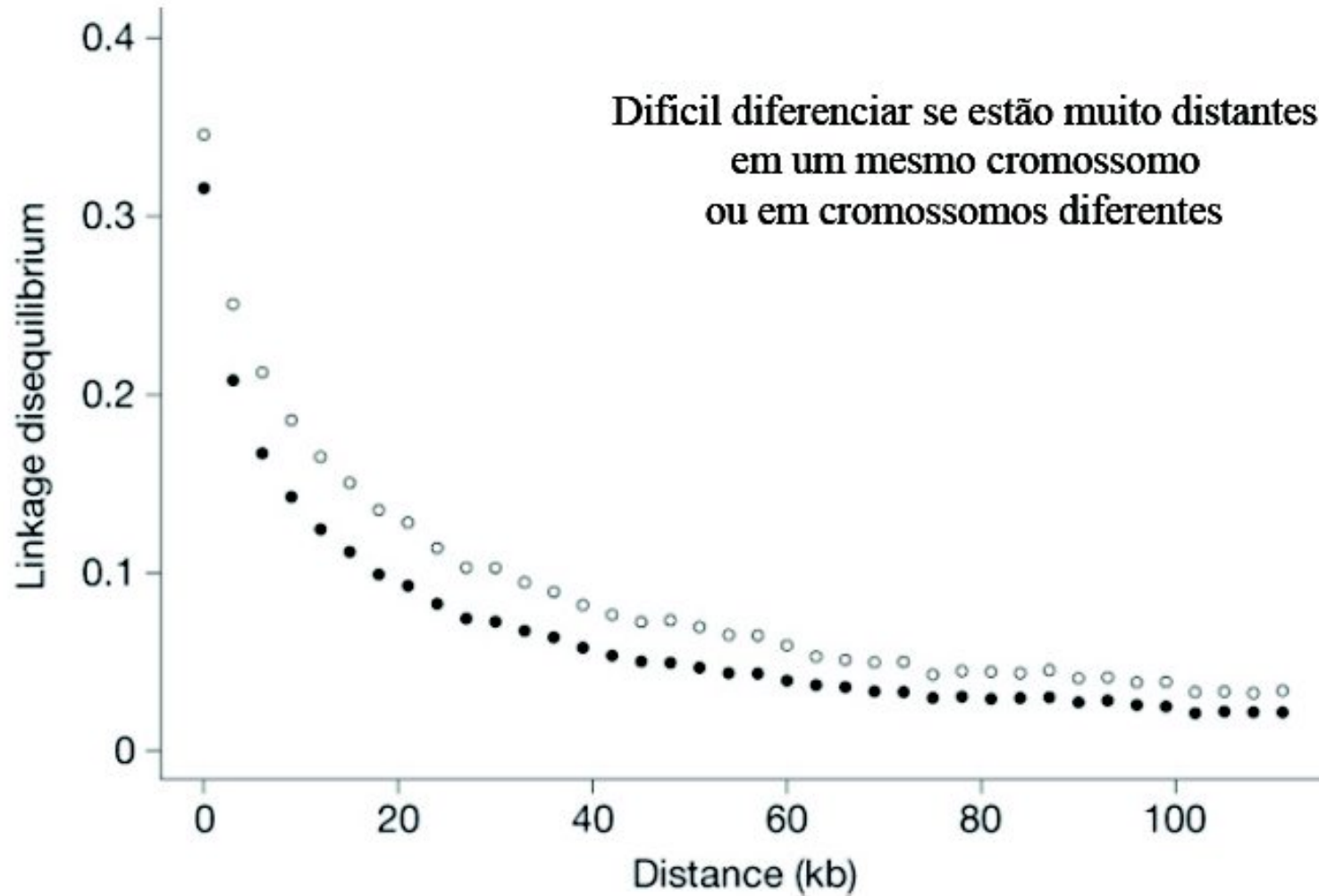


Onde estão os genes que contribuem com as características quantitativas?

VOLTANDO AO MAPEAMENTO DE QTLs

# DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

## MAPAS DE LIGAÇÃO



# MAPEAMENTO DE QTLs

## EXEMPLO EM CÃES





# MAPEAMENTO DE QTLs

## EXEMPLO EM CÃES



### A Single *IGF1* Allele Is a Major Determinant of Small Size in Dogs

Nathan B. Sutter,<sup>1</sup> Carlos D. Bustamante,<sup>2</sup> Kevin Chase,<sup>3</sup> Melissa M. Gray,<sup>4</sup> Keyan Zhao,<sup>5</sup> Lan Zhu,<sup>2</sup> Badri Padhukasahasram,<sup>2</sup> Eric Karlins,<sup>1</sup> Sean Davis,<sup>1</sup> Paul G. Jones,<sup>6</sup> Pascale Quignon,<sup>1</sup> Gary S. Johnson,<sup>7</sup> Heidi G. Parker,<sup>1</sup> Neale Fretwell,<sup>6</sup> Dana S. Mosher,<sup>1</sup> Dennis F. Lawler,<sup>8</sup> Ebenezer Satyaraj,<sup>8</sup> Magnus Nordborg,<sup>5</sup> K. Gordon Lark,<sup>3</sup> Robert K. Wayne,<sup>4</sup> Elaine A. Ostrander<sup>1\*</sup>

The domestic dog exhibits greater diversity in body size than any other terrestrial vertebrate. We used a strategy that exploits the breed structure of dogs to investigate the genetic basis of size. First, through a genome-wide scan, we identified a major quantitative trait locus (QTL) on chromosome 15 influencing size variation within a single breed. Second, we examined genetic variation in the 15-megabase interval surrounding the QTL in small and giant breeds and found marked evidence for a selective sweep spanning a single gene (*IGF1*), encoding insulin-like growth factor 1. A single *IGF1* single-nucleotide polymorphism haplotype is common to all small breeds and nearly absent from giant breeds, suggesting that the same causal sequence variant is a major contributor to body size in all small dogs.

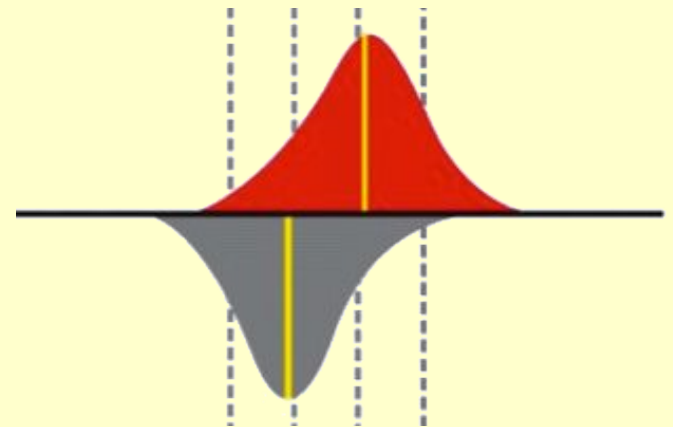
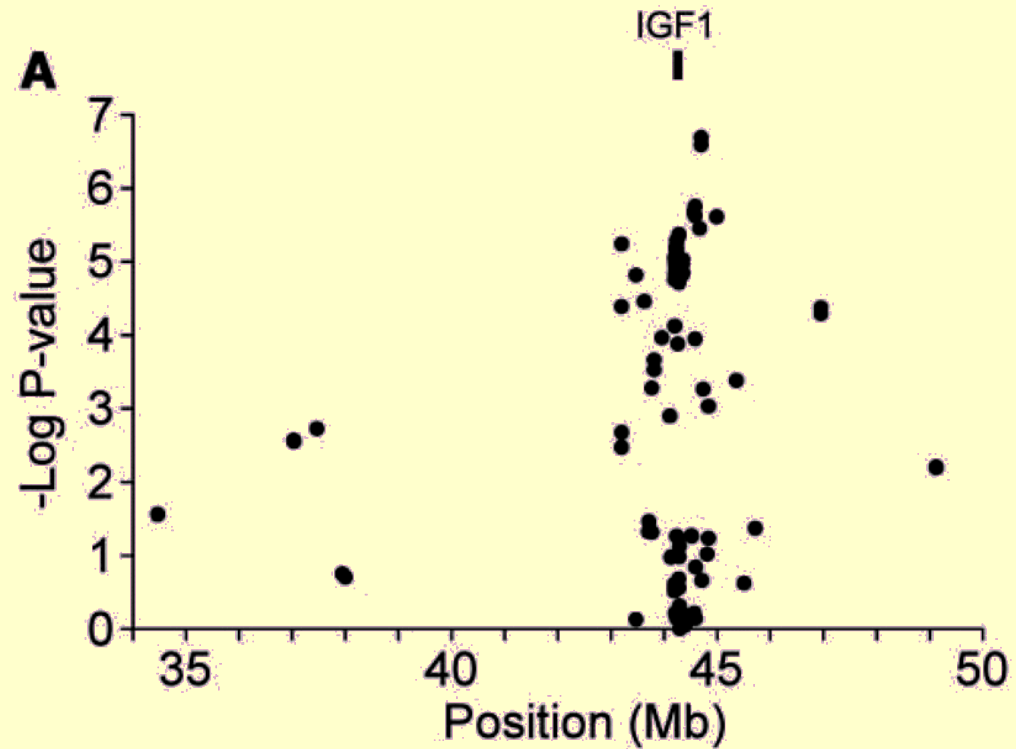
# MAPEAMENTO DE QTLs

## EXEMPLO EM CÃES



463 cães (cão d'água português)

IGF1 se liga ao receptor transdutor de sinal tirosina quinase, que promove crescimento e longevidade celular





# MAPEAMENTO DE QTLs

## EXEMPLO EM CÃES



Genótipo B/B = cães menores  
Genótipo B/I = cães intermediários  
Genótipo I/I = cães maiores

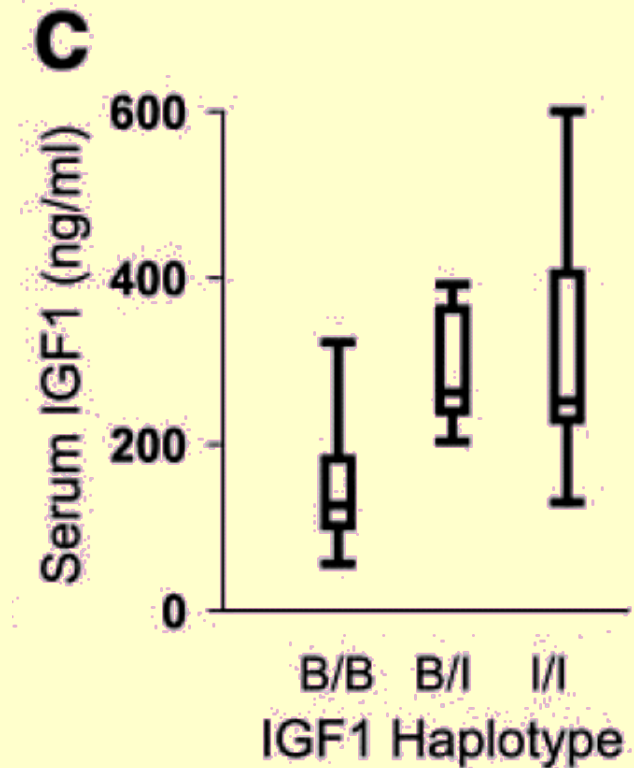
463 cães (cão d'água português)

# MAPEAMENTO DE QTLs

## EXEMPLO EM CÃES

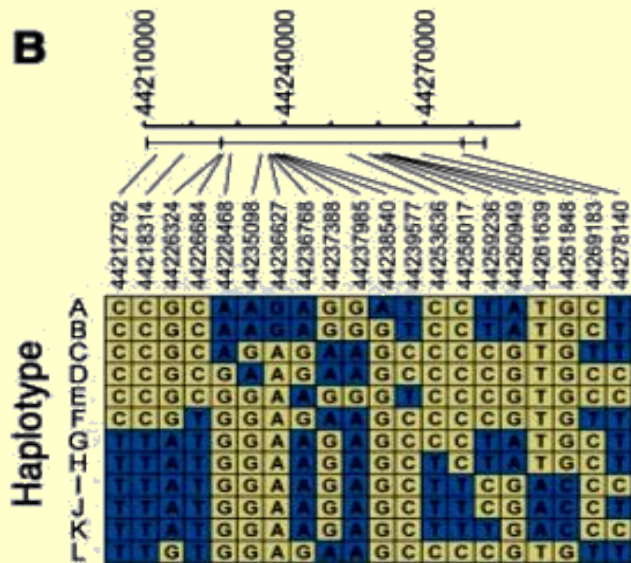
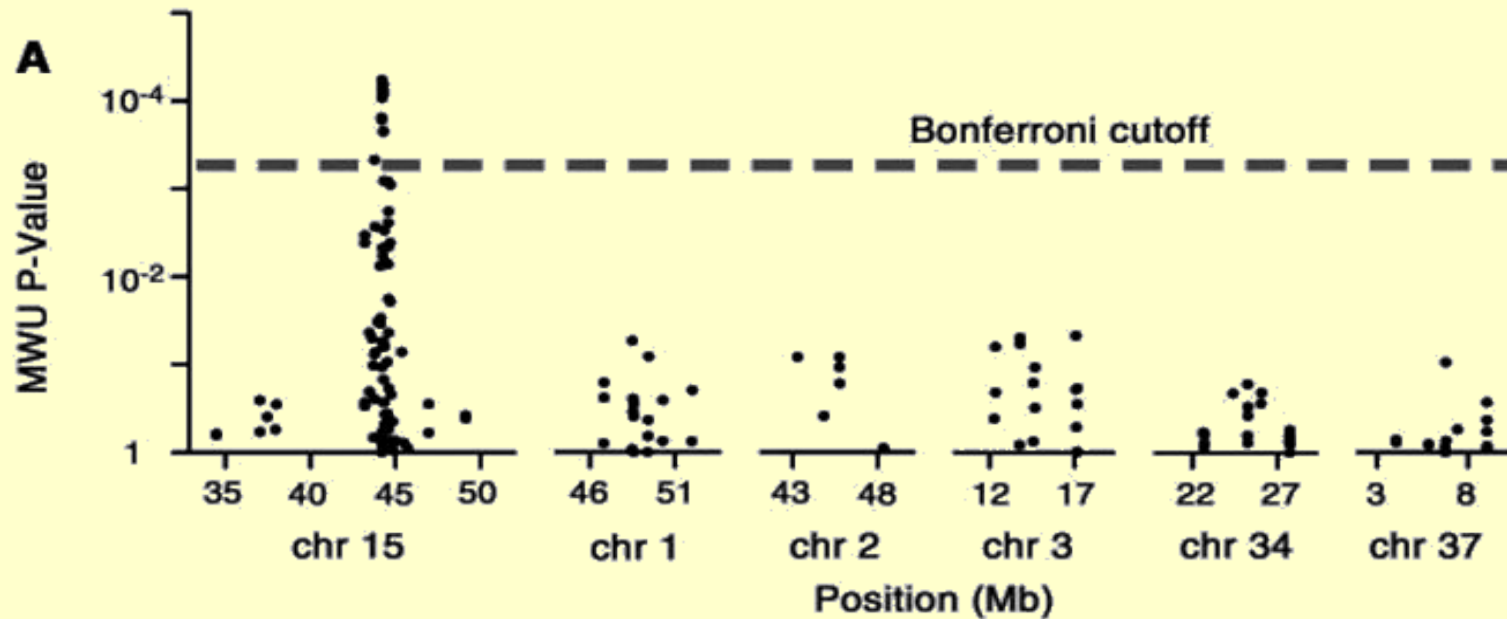


463 cães (cão d'água português)



# MAPEAMENTO DE QTLs

## EXEMPLO EM CÃES



**C**

Breed name and size (kg)

breed	chihuahua	toy fox terrier	pomeranian	Yorkshire terrier	Japanese chin	Chinese crested	Italian greyhound	Pekingese	shih tzu	Cav. King Ch. spaniel	border terrier	miniature schnauzer	Jack Russell terrier	Boston terrier	giant schnauzer	akita	Bernese mtn. dog	great Pyrenees	bulldog	Irish wolfhound	Saint Bernard	great Dane	mastiff	all small dogs	all giant dogs
n	2	2	2	3	3	3	4	4	6	6	7	7	8	8	32	44	45	49	54	54	59	73	82	<9	>31
29	2	4	6	30	12	12	12	22	73	47	76	49	22	34	2	-	-	-	8	-	-	-	19	510	29
1	-	-	3	-	-	-	7	-	-	2	-	-	-	-	-	9	-	-	-	-	-	-	13	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8	-	-	-	-	-	-	-	9	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4	7	-	3	15	39	5	-	73	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	9	9	-	-	-	-	-	-	9	-
-	-	-	-	-	-	-	-	2	2	-	3	-	3	37	3	5	47	6	17	21	25	58	10	219	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	1	-	-	-	-	-	-	-	4	1	4	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	-	-	-	3	-	8	-



