

بررسی فواصل اطمینان مختلف موقعیت QTL بدست آمده از روش های تجزیه متفاوت

غزاله مهاجری^۱، شکوفه غضنفری^{۲*}

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه علوم دام و طیور، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، ^۲ استادیار گروه علوم دام و طیور، پردیس

ابوریحان، دانشگاه تهران

*نویسنده مسئول: شکوفه غضنفری، تهران، دانشگاه تهران، دانشکده کشاورزی پردیس ابوریحان، گروه علوم دام و طیور،

shghazanfari@ut.ac.ir

چکیده

امروزه نقشه های ژنتیکی و نشانگرهای ژنتیکی متعدد برای اکثر موجودات در دسترس می باشد بنابراین نقشه یابی QTL^{۶۸} به کمک نشانگرها مورد توجه قرار گرفته است. روش های آماری مختلفی برای نقشه یابی ارائه شده است. با وجود این که این روش ها در عمل بسیار خوب بودند اما روش صریح و روشی برای محاسبه فواصل اطمینان ندارند. به دلیل این که فاصله اطمینان در کاربرد نتایج و یا تحقیقات بعدی بسیار مهم می باشد در این مطالعه به بررسی برخی عوامل آزمایشی بر روی فواصل اطمینان های مختلف بدست آمده از چند روش آماری پرداخته شده است. در این مطالعه نشان داده شد که میانگین فواصل اطمینان صحیح (MACI) تحت تاثیر اثر QTL، فاصله مارکری، اندازه جمعیت، موقعیت نسبی QTL و نسبت اثر افزایشی به غالبیت قرار می گیرد ولی درصد فواصل اطمینان صحیح (PACI)، بجز روش فواصل مطمئن بیزی در روش مکانیابی رگرسیون مارکری، کمتر تحت تاثیر عوامل قرار گرفتند. فاصله مطمئن بیزی در روش رگرسیون فقط موقعی که QTL در روی مارکر قرار داشت با بقیه روش ها هماهنگی داشت. در نهایت با توجه به PACI و MACI روش فاصله اطمینان ۱ LOD پشتیبان در روش های مختلف بهترین نتایج را ارائه می کردند.

واژگان کلیدی: فاصله اطمینان - مکانیابی QTL - روش های آماری

مقدمه

امروزه نقشه های ژنتیکی برای اکثر موجودات اعم از گیاهان و جانوران در دسترس می باشد. برای نقشه یابی QTL روش های تجزیه ای مختلفی ارائه شده است (۱ و ۳). بسیاری از روش ها برای اولین بار برای تجزیه QTL در حال تفرق در جمعیت تلاقی های بین لاین های خالص و یا تلاقی بین لاین های ناخالص ارائه گردیده است (۲). خیلی از این روش ها در آزمایش و در عمل نتایج خوبی ارائه دادند. اکثر روش های مورد استفاده در مکانیابی روش حداکثر درست نمایی و روش رگرسیونی بودند. روش های مذکور روش صریح و روشی برای محاسبه فواصل اطمینان ندارند. در هر یک از این روش ها می توان به طرق مختلف فاصله اطمینان را محاسبه نمود.

فاصله اطمینان در مطالعات کاربردی بسیار مهم می باشد بطوری که روند تحقیقات آینده را تحت تاثیر قرار خواهد داد. برای مثال در فواصل اطمینان زیاد تحقیقات دقیق تر برای موقعیت دقیق QTL الزامی می باشد. در صورت بدست آمدن فاصله اطمینان کم می توان با یافتن مارکر پیوسته به QTL از آن برای انتخاب و یا دخول ژن استفاده نمود. بطوری که می توان از هاپلوטיפ مارکرهای دهنده در محدوده فاصله اطمینان برای پیش بینی آلل QTL استفاده می شود.