

مقایسه روش های مختلف مکان یابی ژن ها (QTL) با استفاده از داده های شبیه سازی شده

غلامرضا داشاب

استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

* نویسنده مسئول: غلامرضا داشاب، زابل - دانشگاه زابل - دانشکده کشاورزی - گروه علوم دامی dashab5@yahoo.co.in

چکیده

علی رغم موفقیت های زیاد در مطالعات ژنومیکس (GWAS) هنوز هم چالش هایی در شناسایی QTL وجود دارد، به ویژه برای داده هایی که سطوح مختلف ارتباطات ژنتیکی مختلف در بین مارکرها و حیوانات مورد مطالعه وجود دارد. در مطالعه اخیر، سه روش مختلف مطالعات ژنومیکس بر داده های شبیه سازی شده مورد بررسی قرار گرفت (۱) مدل تک مارکری (۲) مدل هاپلوتیپ تصادفی و (۳) مدل بیز. داده های شبیه سازی شده شامل ۲۰۰۰ حیوان حاصل از ۲۰ فامیل ناتنی پدری و داده های ژنوتیپی شامل ۹۹۹۰ SNP بر روی ۵ کروموزوم می باشد. طول هر کروموزوم ۱۰۰ cM در نظر گرفته شد و مارکرها در فواصل یکسانی از هم قرار دارند. هشت QTL بر روی کروموزوم های ۱ تا ۵ شبیه سازی شد. سه مدل مورد استفاده شامل تک مارکری، هاپلوتیپ تصادفی و بیز به ترتیب ۶، ۶ و ۷ تا ۸ QTL شبیه سازی شده را شناسایی نمود. از بین روش های فوق مدل بیز بالاترین قدرت در تشخیص QTL را دارا است اما دارای یک خطا نیز در تعیین QTL بود (False negative). استفاده از مدل های مختلف مطالعات ژنومیکس، می تواند موجب اطمینان بیشتر در شناسایی QTL گردد.

واژگان کلیدی: هاپلوتیپ تصادفی، روش بیز، مدل تک مارکری، ژنومیکس و مکان یابی ژن ها

مقدمه

علی رغم موفقیت های بسیار زیاد در مطالعات ژنومیکس (GWAS) هنوز هم چالش های زیادی در روش ها و مدل های آماری تعیین QTL وجود دارد، به ویژه در جمعیت هایی که سطوح مختلف روابط خویشاوندی در بین حیوانات وجود دارد. براین اساس در مطالعه اخیر دقت سه روش مطالعات ژنومیکس در شناسایی جایگاه های QTL شامل (۱) مدل تک مارکر^{۹۹} (SMM) (۲) مدل هاپلوتیپ تصادفی^{۱۰۰} (RHM) و (۳) مدل بیز^{۱۰۱} (BVS) مورد ارزیابی قرار می گیرد. مطالعات نشان داده است که مدل هاپلوتیپ تصادفی با توجه به این که از تمام ظرفیت عدم تعادل پیوستگی^{۱۰۲} (LD) در جمعیت استفاده می نماید قدرتمند تر مدل تک مارکری در شناسایی QTL های کنترل کننده صفات کمی است (۱ و ۴).

مواد و روش ها

جمعیت شبیه سازی شده: یک جمعیت غیر همخون با استفاده از نرم افزار LDSO (۶) شبیه سازی گردید. داده های در دسترس برای مکان یابی نهایی QTL از آمیزش تصادفی ۱۰۰۰ فرد در طی ۱۰۰۰ نسل در مرحله اول و در ادامه ۱۵۰ فرد در طی ۳۰ نسل

⁹⁹ Single Marker Model

¹⁰⁰ Random Haplotype Model

¹⁰¹ Bayesian Variable Selection

¹⁰² Linkage Disequilibrium