

بررسی روش ساده پیشنهاد شده و روش شبکه عصبی برای محاسبه فواصل اطمینان موقعیت QTL در طرح F_2

کریم نوبری^{۱*}، علی اصغر اسلمی نژاد^۲، محمد رضا نصیری^۳، مجتبی طهمورث پور^۴، علی اسماعیلی زاده کشکویی^۵
^۱ دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، ^۲ دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، ^۳ دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان
*نویسنده مسئول: کریم نوبری، مشهد-میدان آزادی-دانشگاه فردوسی-دانشکده کشاورزی-گروه علوم دامی،

k_nobari_ir@yahoo.com

چکیده

شناسایی موقعیت QTL موجود در ژنوم همراه با خطا می باشد. فاصله ای از ژنوم که شامل فاصله اطمینان ۹۵٪ موقعیت QTL است در مکانیابی مهم می باشد. قدرت تجزیه که به عنوان ۹۵٪ فاصله اطمینان موقعیت QTL تعریف می گردد، آستانه اندازه فاصله مارکری می باشد. این مطالعه برای بررسی روشهای مختلف محاسبه فاصله اطمینان صورت گرفت. اثر افزایشی QTL، نسبت اثر افزایشی به غالبیت و اندازه جمعیت طرح F_2 فاصله اطمینان را تحت تاثیر قرار می دهد. با داشتن پارامترهای فوق و نتایج قدرت تجزیه از داده های شبیه سازی، دو نوع روش که شامل فرمولهای پیشنهاد شده و مدل شبکه عصبی مصنوعی پرسپترون چند لایه برای پیش بینی قدرت تجزیه در طرح F_2 مورد بررسی قرار گرفتند. شبکه عصبی مورد مذکور با استفاده از الگوریتم پس انتشار آموزش می دید. مدل شبکه عصبی با داشتن R^2 به مقدار ۰/۹۹ و RMSE به مقدار ۳/۳۴ بسیار دقیق بود. سپس برای بررسی تاثیر هر یک از پارامترهای مورد بررسی بر روی فاصله اطمینان، برای تعداد زیادی از سناریوها با استفاده از مدل شبکه عصبی مصنوعی فاصله اطمینان پیش بینی گردید. در بررسی سناریوهای زیاد نشان داده شد که اثر پارامترهای مورد بررسی بر روی فاصله اطمینان معنی دار بود. همچنین اثر متقابل اندازه جمعیت با اثر جایگزینی آلی و نسبت اثر غالبیت به افزایشی برای پیش بینی فاصله اطمینان معنی دار بود.

واژگان کلیدی: طرح F_2 - قدرت تجزیه - شبکه عصبی مصنوعی - مدل سازی - بسط مطالعه

مقدمه

مکانیابی QTL روش مناسبی برای شناسایی نقاط ژنومی موثر بر روی صفات کمی می باشد. به هر حال در مکانیابی ممکن است جایگاه شناسای شده از موقعیت واقعی آن کمی منحرف باشد. در مکانیابی داشتن نظری در رابطه با دقت جایگاه مکانیابی شده مهم می باشد. روشهای مختلفی برای محاسبه فاصله اطمینان وجود دارد. لندر و بوتستین (۴) روش LOD پشتیبان را برای محاسبه فاصله اطمینان پیشنهاد نمودند سپس روش بیزی، روش بوت استرپ نیز پیشنهاد شدند. در این مطالعه از قدرت تجزیه که توسط داروآسی و همکاران (۱) پیشنهاد گردیده استفاده شد. در این روش هر سناریو به تعداد ۱۰۰۰ مرتبه شبیه سازی و با استفاده از روش حداکثر درست نمایی لندر و بوتستین مورد تجزیه قرار می گیرد. موقعیتی از ژنوم که در آن ۹۵٪ از QTL های شناسایی شده از ۱۰۰۰ تکرار را شامل شود به عنوان قدرت تجزیه یا ۹۵٪ فاصله اطمینان در نظر گرفته می شود.

مدلسازی شبکه عصبی مصنوعی برای حل طیف گسترده ای از مشکلات در علوم و مهندسی مورد استفاده قرار می گیرد. این روش بخصوص در مواردی که مدل سازی ریاضی قابل استفاده نباشد مورد بهره برداری قرار می گیرد. روش شبکه عصبی برای