

تجزیه جایگاه های ژنی (QTL) با مدل هاپلوتیپ تصادفی و تاثیر طول هاپلوتیپ در تشخیص مکانهای ژنی صحیح

غلامرضا داشاب و محمد رکوعی

استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

* نویسنده مسئول: غلامرضا داشاب، زابل - جاده بنجار-پردیس جدید دانشگاه زابل-گروه علوم

دامی dashab5@yahoo.co.in

چکیده

تحقیق حاضر به منظور تجزیه مکان های ژنی (QTL) با مدل هاپلوتیپ تصادفی در یک جمعیت شبیه سازی شده انجام گرفت. جمعیت شبیه سازی شده در آخرین نسل شامل ۲۰۰۰ حیوان حاصل از ۲۰ فامیل ناتنی پدری بود که هر کدام از والد های نر با ۱۵ والد ماده آمیزش داده شده و از فامیل تنی ۱۵ نتاج حاصل شده است منتهی فقط ۱۰ نتاج آنها دارای رکورد فنوتیپی هستند. داده های ژنوتیپی شامل ۹۹۹۰ SNP توزیع شده بر روی ۵ کروموزوم که هر کروموزوم دارای طول ۱۰۰ سانتی مورگان می باشد و مارکر به فاصله یکسانی از هم قرار دارند. در ژنوم ۸ QTL شبیه سازی شد که به ترتیب ۱، ۲، ۲، ۱ و ۲ بر روی کروموزوم های ۱ تا ۵ است. مدل هاپلوتیپ تصادفی با طول ها مختلف شامل ۲، ۳، ۴، ۵، ۶، ۷، ۸ و ۱۲ نوکلئوتید بر روی داده های فوق اجرا گردید. مدل هاپلوتیپ تصادفی در تشخیص صحیح جایگاه های QTL شبیه سازی شده قوی بود و توانست ۷ تا از ۸ QTL شبیه سازی شده را با دقت بالا و در دامنه کمتر از ۲ سانتی مورگان از محل اصلی شناسایی نماید. مدل هاپلوتیپ با ۵ نوکلئوتید بیشترین دقت در شناسایی دقیق QTL اصلی و کمترین تعداد خطا را دارا بود.

واژگان کلیدی: هاپلوتیپ تصادفی، مکان یابی ژنی، صفات کمی، چند شکلی تک نوکلئوتید

مقدمه

اکثر صفات اقتصادی در حیوانات اهلی، صفات کمی و دارای توزیع پیوسته و نرمال هستند. برای توجیه تنوع چنین صفاتی دو مدل پیشنهاد گردیده است، مدل نامحدود ژنی^{۱۰۴} و مدل محدود ژنی^{۱۰۵}. با توجه به محدود بودن ژنوم (حدود ۲۰۰۰۰ ژن) در کل ژنوم حیوانات بدین معنی است که تعداد محدودی جایگاه مسئول تنوع در صفات کمی هستند. کاوش برای یافتن جایگاه هایی که اصطلاحاً QTL^{۱۰۶} نامیده می شود و استفاده از اطلاعات فوق برای افزایش دقت حیواناتی که از نظر ژنتیکی برتر هستند، انگیزه بیشتر تحقیقات دو دهه گذشته را تشکیل داده است. برای مکان یابی QTL دو روش عمده مورد استفاده قرار گرفته است، روش ژن های کاندید (Candidate gene) و روش های مکان یابی ژنی (QTL mapping). روش مکان یابی QTL فرض بر این است که مکان ژن های واقعی کنترل کننده صفت کمی ناشناخته است. معمولاً در این روش از مارکر های DNA استفاده می گردد و ارتباط بین تنوع آلی در هر مارکر و تنوع موجود در صفات کمی موجب شناسایی مکان های ژنی کنترل کننده صفت کمی می گردد. تا قبل از سال های اخیر، تعداد جایگاه های شناسایی شده بسیار محدود بود و مکان یابی ژنی

¹⁰⁴ Infinitesimal model

¹⁰⁵ Finite Loci model

¹⁰⁶ Quantitative Trait Loci