

عنوان مقاله:

مطالعات گسترده ارتباطی ژنومی GWAS و نرم افزار R

محل انتشار:

سومین همایش ملی بیوتکنولوژی کشاورزی ایران (گیاهی، دامی و صنعتی) (سال: 1391)

تعداد صفحات اصل مقاله: 3

نویسندگان:

مرتمضی بیطرف ثانی - دانشجوی دکتری اصلاح دام دانشگاه فردوسی

علی اصغر اسلمی نژاد - عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه فردوسی

محمد رضا نصیری - عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه فردوسی

خلاصه مقاله:

مطالعات گسترده ارتباطی ژنومی GWAS تنوع ژنتیکی مرتبط با یک بیماری خاص را با مارکرهایی ملکولی که کل ژنوم را پوشش می دهند، در بین تعداد زیادی از افراد پیدا می کند. در این مطالعات تنوع ژنتیکی چند شکلی های تک نوکلئوتیدی به عنوان مارکر بررسی می شود. با مقایسه فراوانی آللی و ژنوتیپی چند شکلی های تک نوکلئوتیدی در افراد سالم و بیمار SNP موثر بر روی بیماری شناسایی می شود. بررسی تنوع ژنتیکی صفات کمی از روی فنوتیپ، شناسایی اثرات متقابل ژنها، بررسی ارتباطی بین ژنها و چند شکلی های تک نوکلئوتیدی مرتبط با بیان ژن و فنوتیپ از دیگر کاربردهای مطالعات GWAS می باشد. مطالعات فوق را با به کمک نرم افزار R می توان به خوبی پوشش داد. بسته های نرم افزاری تخصصی زیادی برای این نرم افزار طراحی شده است. بسته نرم افزاری SNPassoc به طور اختصاصی برای مطالعات گسترده ارتباطی ژنومی طراحی شده است و اکثر آنالیز های در ارتباط با این مطالعات شامل: برآورد شاخص های آماری، بررسی تعادل هاردی واینبرگ، تعیین ارتباطات ژنتیکی، آنالیز هاپلوتایپ ها و آزمون permutation را انجام می دهد. همچنین تسهیلات خاصی برای تکثیر و ذخیره داده های زیاد را فراهم می آورد و خیلی سریع آزمون های مربوطه را اجرا می کند. از طرفی توابع ویژه ای برای آنالیز و نمایش نتایج دارد و از بسته های نرم افزاری مشابه دیگر بسیار موثر تر است. با بسته نرم افزاری تخصصی مذکور و با شبیه سازی فایل داده برای 1000 نفر با 10000 چند شکلی تک نوکلئوتیدی به خوبی برآوردهای فوق محاسبه گردید.

کلمات کلیدی:

مطالعات گسترده ارتباطی ژنومی، نرم افزار R، چند شکلی تک نوکلئوتیدی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/204093>

