

عنوان مقاله:

کاربرد نرم افزار R (بسته نرم افزاری SNPassoc) در مطالعات گسترده ارتباطی ژنومی (GWAS)

محل انتشار:

چهارمین همایش بیوانفورماتیک ایران (سال: 1391)

تعداد صفحات اصل مقاله: 1

نویسندگان:

مرتضی بیطرف ثانی - دانشجوی دکتری صلاح دام دانشگاه فردوسی مشهد

علی اصغر اسلمی نژاد - عضو هیئت علمی دانشگاه فردوسی مشهد

محمدرض نصیری - عضو هیئت علمی دانشگاه فردوسی مشهد

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 آلل ی 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 آنالیزهای 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 میدهد. 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، SNPassoc package

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/287685>

