

# 应用复合单标记分析 进行 QTL 检测和参数估计的研究

于希江<sup>1,2</sup>, 吴常信<sup>1</sup>, 杨 达<sup>3</sup>

(1. 中国农业大学动物科技学院, 北京 100094 2. 山东农业大学动物科技学院, 泰安 271018 3. 明尼苏达大学动物科技系)

## QTL Detection and Parameter Estimation Using Composite Single Marker Analysis

YU Xi-jiang<sup>1,2</sup>, WU Chang-xin<sup>1</sup>, YANG Da<sup>3</sup>

(1. College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing, 100094 China;

2. College of Animal Science and Technology, Shandong Agricultural University, Tai'an, 271018 China;

3. Department of Animal Science, University of Minnesota, St. Paul, MN 55108 USA)

中图分类号: Q348

文献标识码: A

文章编号: 0253-977X(2001)01-0038-01

随着现代分子生物技术的进展,在整个基因组范围内系统地搜索影响数量性状的基因座(QTL)已成为可能,这便是利用分子遗传标记,通过标记 QTL 连锁分析来对 QTL 进行检测和参数估计。目前对标记基因进行连锁分析的原理与方法相对成熟,而在标记 QTL 连锁分析方面,仍然有许多值得研究的问题。

根据简单的性质,本研究提出了一种新的基于单标记分析的 QTL 定位方法——复合单标记分析(CSM),并通过 Monte-Carlo 模拟,研究了在近交系设计( $BC_1$ )当中,不同因素(如标记密度、QTL 效应等)对 QTL 检测效率及参数估计精度的影响,同时将该方法与现行常用的方法,即简单区间定位(SIM)和复合区间定位(CIM)做了比较。另外,本研究还将基于单标记分析的方法推广到阈值性状 QTL 的检测和定位,并将检测结果同现有已知结果进行了比较。研究结果如下:

1. 考察了不同因素(样本表型方差、样本大小和标记数目等)对显著性阈值的影响。结果表明,群体的表型方差对显著性阈值的确定无显著影响,而不同大小样本的检出率之间存在明显差异,而且在样本较小( $N < 400$ )时,其影响较为剧烈,当  $N > 500$  时,其影响不显著;一般地,随着样本的增大,应采用的显著性阈值需更为严格。

2. 对单个 QTL 情况的检测结果表明,CSM、SIM 和 CIM 估计结果十分近似,但 CIM 的估计精度较差;对三种方法的测

验统计量进行了比较,结果所采集的数据基本位于同一数量级,但 CIM 的 P 值略低,这一方面相互印证了三种不同方法的可靠性,同时也说明 CIM 对 QTL 的敏感度较低。

3. 分析了一种标记分布不均匀的情况,结果三种方法对 QTL 位置的估计均偏向染色体上标记密度较高的一侧,且结果十分近似。

4. 对连锁 QTL 的情况进行了研究,结果发现,连锁分析在区别紧密连锁的 QTL 方面能力有限,而且尽管从理论上讲,CSM 可以识别一些区间定位所不能识别的情况,但其检测结果也不是十分理想,通常能够可靠检测出 QTL 存在的资源群体往往并不能提供足够的信息量以识别连锁 QTL。

5. 验证了杨达关于间断区间 QTL(即该 QTL 所在的标记区间相邻两侧标记区间内无 QTL 存在)的参数估计公式。

6. 研究中还发现,模型对 QTL 的敏感度及对 QTL 的参数估计精度随模型中所包含的条件标记数目增加而降低。

7. 对阈值性状 QTL 的研究结果表明(1)阈值性状 QTL 的检测效率明显低于常规数量性状 QTL 的检测效率(2)单标记分析方法所得结果与区间定位及广义线性模型方法所得结果十分近似,但单标记回归分析方法更为简单有效,且对样本的分布属性不敏感,因而对处理不同分布属性的数据稳健(3)由于与常规数量性状相比,阈值性状的测验统计量普遍要低,因而要识别阈值性状的 QTL 将更加困难。

收稿日期: 2000-06-15; 修回日期: 2000-08-11

作者简介: 于希江(1971-),男,山东招远人,博士学位,副教授,专业方向:数量遗传学。现在山东农业大学动物科技学院工作,泰安 271018, E-mail: xijiang@public.taptt.sd.cn, Tel: 0538-8241414。