

Mapping Quantitative Trait Loci (QTLs) under Selective Genotyping by Using the EM Algorithm

李欣怡
南臺科技大學電子工程系

Abstract

數量性狀 (quantitative trait) 是群體中個體表現型不易分類的性狀，其表現型呈連續性變異、易受環境條件的影響，如：作物產量、株高、果實重等等，是由多個基因所控制。控制數量性狀的基因在基因組中的位置稱之為數量性狀基因座 (Quantitative Trait Locus, QTL)，可透過其與標誌基因 (marker) 的連鎖關係及表現型值，利用最大概似法 (maximum likelihood) 來估計 QTL 所在位置及其影響效應的大小。選擇性基因分型 (selective genotyping) 為一個節省 QTL mapping 試驗成本之策略，我們提出以已知的標誌基因型比例，求得未進行標誌基因分型個體之 QTL 基因型比例估計值，以之建立常態混合模型 (normal mixture model)，利用 EM 演算法進行 QTL 位置以及各影響效應的估計。經由模擬驗證，相較於其他兩種方法，我們提出的方法有相當不錯的表現，尤其是在處理多個 QTL 和對上位效應 (epistasis) 的檢測。