

# **SYSTEMY INFORMATYCZNE WSPOMAGAJĄCE HODOWLĘ**

---

**Detekcja genów głównych w populacjach zwierząt  
hodowlanych – przykłady użycia programu SAS**

- 1. Kod programu SAS**
- 2. Detekcja genów głównych u kur nieśnych**
- 3. Metoda – analiza sprzężeń**



1. **Krzyżówka: zielononóżka kuropatwiana x leghorn**
2. **Cechy: odpowiedź immunologiczna**
3. **Chromosom: 14**
4. **Dane: 500 osobników, 7 markerów**

# KOD PROGRAMU – SAS, ANALIZA SPRZĘŻEŃ

---

## Przygotowanie danych I: cechy + poligeny

- **Analiza wzdłuż chromosomu 14, co 1cM**
  - ✓ Przygotowanie danych II: prawdopodobieństwo genotypu QTL
  - ✓ Model: obliczenie jakości dopasowania modelu
  - ✓ Obliczenie testu LRT
- **Analiza wzdłuż chromosomu 14, co 1 cM**

co 1 cM

Wniosek nt lokalizacji genu głównego

# KOD PROGRAMU – SAS, ANALIZA SPRZĘŻEŃ

---

```
/* reads dependent variable - trait */
```

```
data TRAIT ;  
  infile 'k:/epi/traits.txt' ;  
  input IID Y1 Y2 Y3 Y4 ;  
run;
```

```
proc sort data=TRAIT ;  
  by IID ;  
run ;
```

```
/* additive genetic relationship matrix */
```

```
data A ;  
  infile 'k:/epi/Matrix.txt';  
  input ROW COL VALUE ;  
  PARM=1 ;  
run;
```

# KOD PROGRAMU – SAS, ANALIZA SPRZĘŻEŃ

---

```
%macro analyse (INFILE1=) ;
```

```
/* QTL transmission probabilities */
```

```
data QTL ;  
  infile "&INFILE1" delimiter='09'x ;  
  input IID cM QA QB QC QD;  
  ADDITIVE=QA-QD ;  
  output ;  
run;
```

```
/* merged data sets */
```

```
data ALLQTL ;  
  merge TRAIT(in=A) QTL(in=B) ;  
  by IID;  
  if A ;  
run;
```

```
/* fitting models */
```

```
proc mixed data=ALLQTL method=REML info noclprint itdetails noprofile  
order=data;  
  class IID ;  
  model Y1 = ADDITIVE / s outpred=PREDV ;  
  random IID / type=lin(1) ldata=A ;  
  parms (0.01) (0.99) / hold=1 ;  
run;
```

# KOD PROGRAMU – SAS, ANALIZA SPRZĘŻEŃ

---

```
%mend analyse ;
```

```
%analyse (INFILE1='k:/epi/CM/cM0.txt')
```

```
%analyse (INFILE1='k:/epi/CM/cM1.txt')
```

```
%analyse (INFILE1='k:/epi/CM/cM2.txt')
```

```
%analyse (INFILE1='k:/epi/CM/cM3.txt')
```

```
%analyse (INFILE1='k:/epi/CM/cM4.txt')
```

```
%analyse (INFILE1='k:/epi/CM/cM5.txt')
```

```
%analyse (INFILE1='k:/epi/CM/cM6.txt')
```

```
%analyse (INFILE1='k:/epi/CM/cM7.txt')
```

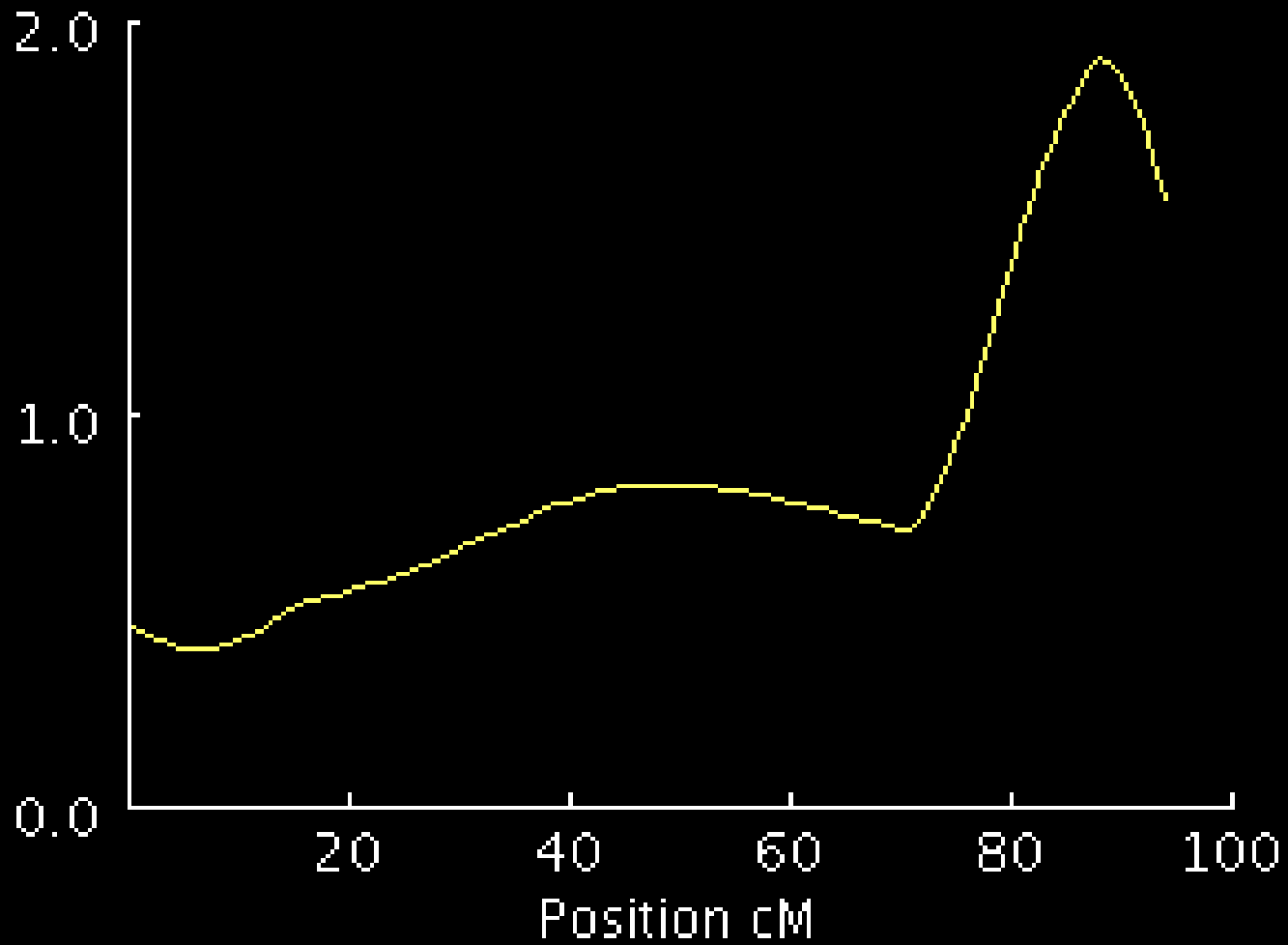
```
%analyse (INFILE1='k:/epi/CM/cM8.txt')
```

```
%analyse (INFILE1='k:/epi/CM/cM9.txt')
```

```
...
```

```
%analyse (INFILE1='k:/epi/CM/cM94.txt')
```

Interval Mapping



- 1. Kod programu SAS**
- 2. Detekcja genów głównych u kur nieśnych**
- 3. Metoda – analiza sprzężeń**