



بخشی از ترجمه مقاله

عنوان فارسی مقاله :

شناسایی آلل های HLA اجدادی تائیدی بر فرضیه
منشا ترکیبی جمعیت ژاپنی

عنوان انگلیسی مقاله :

Detection of Ancestry Informative HLA Alleles Confirms
the Admixed Origins of Japanese Population



توجه !

این فایل تنها قسمتی از ترجمه میباشد. برای تهیه مقاله ترجمه شده کامل
با فرمت ورد (قابل ویرایش) همراه با نسخه انگلیسی مقاله، [اینجا](#) کلیک نمایید.



بخشی از ترجمه مقاله

Discussion

Population stratification is a potential cause of the inflation of false positive findings in genetic association studies. We demonstrated that there was a substantial level of population stratification in Japanese population, especially between Okinawa and other mainland groups. Therefore, careful consideration on population substructure is needed in genetic association studies in Japanese population. It is recommended that case-control study is performed by stratifying into two groups (mainland and Okinawa), followed by meta-analysis integrating the results from the two groups [17,45–47]. To a lesser extent, there were differences in frequencies of HLA alleles and haplotypes among mainland groups. In order to examine extent of population substructure among mainland groups, we performed another PCA after removing Okinawa from the dataset (Figure S2). In the first component, both ends of the first component were Shikoku and Hokuriku. In the first component of the PCA including all the Japanese populations (Figure 2A), both ends were Okinawa and Hokuriku, and Shikoku was closest to Okinawa. This result shows the localization of mainland populations in the PCA plot (Figure S2) is similar to that in Figure 2A regarding the first component, implying that the population stratification exists among mainland populations. A large scale study is needed to corroborate the differentiations among mainland groups.

بحث و گفت‌وگو

طبقه‌بندی جمعیت علت احتمالی بروز نتایج مثبت کاذب در مطالعات پیوستگی ژنتیک می‌باشد. ما در این پژوهش نشان دادیم، طبقه‌بندی ویژه‌ای در جمعیت ژاپن علی‌الخصوص بین Okinawa و دیگر جزایر اصلی وجود دارد. بنابراین، لازمست در مطالعات ساختارهای فرعی ژنتیکی به جمعیت‌های مختلف توجه ویژه‌ای داشت. جمعیت به دو گروه (منطقه اصلی و Okinawa) مطالعات مورد-شاهدی (case-control) تقسیم بندی شده و پس از آن مطالعه متاآنالیزی بر نتایج این دو گروه انجام شده‌است. هرچند تفاوت‌های ناچیزی در فراوانی آللهای HLA و هاپلوتایپ‌ها بین مناطق اصلی ژاپن نیز وجود دارد. به منظور بررسی ساختارهای فرعی ژنتیکی بین جزایر اصلی، PCA دیگری پس از حذف Okinawa از پایگاه داده انجام شد (تصویر S2). در اولین مولفه، دو انتهای آن نشانگر جمعیت‌های Shikoku و Hokuriku هستند. اولین مولفه PCA، شامل تمام جمعیت ژاپنی می‌شود (تصویر 2A)، دو انتهای Okinawa, Hokuriku, Shikoku با Okinawa قرابت دارد. از این نتایج می‌توان اینگونه استنباط کرد که جمعیت مناطق اصلی در پلات PCA (تصویر S2)، مشابه به اولین مولفه تصویر 2A است، در نتیجه لازمست جمعیت منطقه اصلی نیز طبقه‌بندی شود. لازمست جهت بررسی تفاوت‌ها و تمایزات بین گروه‌های جزایر اصلی مطالعه عظیمی انجام شود.



توجه!

این فایل تنها قسمتی از ترجمه میباشد. برای تهیه مقاله ترجمه شده کامل با فرمت

ورد (قابل ویرایش) همراه با نسخه انگلیسی مقاله، [اینجا](#) کلیک نمایید.

برای جستجوی جدیدترین مقالات ترجمه شده، [اینجا](#) کلیک نمایید.