

عنوان مقاله:

مطالعه توزیع آماری اثرات QTL بر صحت ارزش های اصلاحی ژنومی برآورد شده با روش Bayesian

محل انتشار:

فصلنامه پژوهشهای علوم دامی ایران، دوره 7، شماره 3 (سال: 1394)

تعداد صفحات اصل مقاله: 8

نویسندگان:

نازنین محمودی - شهید باهنر کرمان

احمد آیت الهی مهرجردی - دانشگاه شهید باهنر کرمان

محمود هنرور - دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهر قدس

علی اسماعیلی زاده کشکوئیه - دانشگاه باهنر کرمان

خلاصه مقاله:

هدف تحقیق بررسی اثر دو توزیع گاما و بتا به طور جداگانه بر صحت ارزیابی ژنتیکی بود. به این منظور ژنومی متشکل از ۱۰ کروموزوم هر یک به طول ۲۰۰ سانتی مورگان شبیه سازی شد. نشانگرها بر روی ژنوم با فواصل ۲/۰ سانتی مورگان طراحی شدند و جایگاه های ژنی موثر بر صفات بر روی ژنوم با توزیع تصادفی و تعداد متغیر شبیه سازی شدند و تنها اثرات افزایشی ژن ها در نظر گرفته شد. در ابتدا جمعیت پایه ای از حیوانات با اندازه موثر ۱۰۰ شبیه سازی شد و این ساختار جمعیتی برای ۵۰ نسل با آمیزش تصادفی ادامه یافت تا عدم تعادل پیوستگی بین نشانگرها و QTL ایجاد شود. پس از این اندازه جمعیت به ۱۰۰۰ فرد در نسل ۵۱ (نسل مرجع) گسترش یافت. در نسل مرجع براساس اطلاعات ژنومیک و فنوتیپی اثرات نشانگری محاسبه گردید. در نسل ۵۲ تا ۵۷ (نسل هدف) ارزش اصلاحی محاسبه شد. نتایج نشان داد که در همه توزیع ها هر چه از جمعیت مرجع دور می شویم، با افزایش نسل ها از نسل ۵۱ به ۵۷ صحت برآورد ارزش اصلاحی ژنومی کاهش مییابد. همچنین وراثت پذیری بالا (۲/۰) نسبت به وراثت پذیری پایین (۰/۵) در تعداد QTL مشابه از صحت بیشتری برخوردار می باشد. در مقایسه توزیع ها در وراثت پذیری پایین، با تعداد ۱۰ QTL، توزیع گاما ۲، با تعداد ۲۰ QTL، توزیع گاما ۱ و با تعداد ۵۰ و ۱۰۰ QTL توزیع بتا برآوردها صحت بیشتری در دو روش Lasso و Ridge داشتند؛ در وراثت پذیری بالا، با تعداد ۵۰ و ۱۰۰ QTL توزیع گاما ۲ در دو روش Lasso و Ridge برتری داشت. به طور کلی توزیع گاما باعث افزایش صحت برآورد ارزش اصلاحی ژنومی شد.

کلمات کلیدی:

ارزش اصلاحی، انتخاب ژنومی، توزیع QTL، صحت

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1421007>

