

عنوان مقاله:

شبیه سازی عدم تعادل پیوستگی در ارزیابی ژنومیک با تراکم بالای نشانگری در جمعیت گاو شیری هلشتاین

محل انتشار:

اولین همایش ملی پدافند غیر عامل در بخشهای کشاورزی، منابع طبیعی و محیط زیست با رویکرد توسعه پایدار (سال: 1394)

تعداد صفحات اصل مقاله: 4

نویسنده:

آزاده بوستان - استادیار گروه علوم دامی اردبیل، دانشگاه محقق اردبیلی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی مغان، گروه علوم دامی

خلاصه مقاله:

پایه برنامه اصلاح نژادی گاو شیری تشخیص حیوانات برتر می باشد. پیشرفت ژنتیکی در گاو شیری تا حد زیادی به شایستگی ژنتیکی گاوهای نری که به عنوان پدر هر نسل مورد استفاده قرار می گیرند، بستگی دارد. برای انتخاب حیوانات، به کار بردن ارزیابی ژنومیک منجر به نرخ بالاتر پیشرفت ژنتیکی در مقایسه با ارزیابی سنتی می شود. برای مقایسه استراتژی های مختلف در انتخاب ژنومیک انجام برخی مطالعات شبیه سازی مورد نیاز است و برای انجام این مطالعات، شبیه سازی عدم تعادل پیوستگی (LD) ضروری است. در مطالعه حاضر عدم تعادل پیوستگی مورد شبیه سازی و محاسبه و سپس با عدم تعادل پیوستگی در جامعه واقعی گاو شیری هلشتاین مورد مقایسه قرار گرفته است. 4 کروموزوم هر کدام با 1000 نشانگر SNP برای هر دام شبیه سازی شد (هر 0/1 سانتی مورگان یک SNP) تلاقی تصادفی برای 50 نسل در یک جمعیت محدود انجام شد. معیار ما برای محاسبه LD در نسل 50 معیار r^2 بود. LD حاصل شده با به کار بردن روش مورد استفاده در این پژوهش برابر 0/194 بود، که مشابه LD در جمعیت واقعی گاو شیری (0/2) می باشد.

کلمات کلیدی:

عدم تعادل پیوستگی، ارزیابی ژنومیک، کروموزوم، پیشرفت ژنتیکی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/440540>

