

عنوان مقاله:

نقش جانمی داده های گمشده در برآورد تنوع زیستی با استفاده از نشانگرهای مولکولی

محل انتشار:

پنجمین همایش ملی تنوع زیستی و تاثیر آن بر کشاورزی و محیط زیست (سال: 1399)

تعداد صفحات اصل مقاله: 8

نویسندگان:

حسین عیدی - دانشجوی دکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه

هادی علی پور - استادیار گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه

ایرج برنوسی - دانشیار گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه

جعفر جعفرزاده - استادیار موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مراغه

خلاصه مقاله:

روش های سنتی مطالعه تنوع زیستی نیاز به تکمیل شدن دارند و جهت دستیابی به اهداف به نژادی، بایستی تکنیکهای مولکولی با رویکردهای سنتی تلفیق گردند. طی سالیان اخیر توسعه روشهای مختلف توالی یابی نسل جدید، ابزارهای مولکولی دقیق، ارزان و با توان تولید حجم بالای داده، توجه گسترده ای را در سرعت بخشیدن به برنامه های به نژادی به خود جلب کرده است. رویکرد ژنوتیپ سنجی با استفاده از توالی یابی برای مطالعات جمعیت، مطالعات تاکسونومیکی و فیلوژنتیکی، خصوصیات ژرم پلاسما و نقشه یابی صفات در طیف گسترده ای از گیاهان با ژنوم های پیچیده مناسب است. این روش در کنار مزایایی ویژه نظیر کاهش هزینه ها، دارای معایبی از جمله فراوانی داده های گمشده می باشد که کارایی توالی یابی را کاهش می دهد. چنین داده های گمشده ای در نتیجه عدم وجود جایگاه های برشی در نمونه های خاص، چندشکلی در سایت های برشی و نرخ پوشش پایین توالی ایجاد می شوند و افزایش عمق توالی یابی و جانی داده های گمشده، دو روش کاهش این قبیل داده ها هستند. جانمی یک رویکرد بدون هزینه برای برآورد داده های گمشده می باشد که توسط الگوریتمها و نرم افزارهای خاصی قابل اجرا هستند و یکی از بهترین آنها استفاده از نرم افزار BEAGLE می باشد. این جانمی می تواند به منظور اهداف مختلفی صورت گیرد که یکی از برجسته ترین آنها افزایش حجم داده ها و دست یابی به تراکم نشانگر بالا می باشد، زیرا بسیاری از مطالعات به حجم زیاد داده نیاز دارد. در نهایت می توان اظهار داشت که جانمی داده گمشده مرحله ای ضروری برای داده های حاصل از توالی یابی است که می تواند برای افزایش حجم نشانگرها در مطالعاتی نظیر ارزیابی تنوع زیستی که نیاز به داده زیادی دارند، بسیار سودمند باشد.

کلمات کلیدی:

ژنوتیپ سنجی با استفاده از توالی یابی، صحت انتساب، نشانگرهای SNP

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1226961>

