

عنوان مقاله:

مقایسه روش های GBLUP و بیزی در برآورد ارزش های اصلاحی ژنومی با معماری های مختلف ژنتیکی

محل انتشار:

فصلنامه پژوهشهای علوم دامی ایران، دوره 12، شماره 2 (سال: 1399)

تعداد صفحات اصل مقاله: 10

نویسندگان:

رضا سید شریفی - دانشگاه محقق اردبیلی

فاطمه علاء نوشهر - دانشگاه تبریز

نعمت هدایت ایوریق - دانشگاه محقق اردبیلی

جمال سیف دواتی - دانشگاه محقق اردبیلی

خلاصه مقاله:

انتخاب ژنومی با استفاده از نشانگرهای با تراکم بالا، بخصوص SNPهایی که کل ژنوم را پوشش می‌دهند و اغلب در عدم تعادل پیوستگی با QTLهای مجاور خود قرار دارند، ارزش ژنتیکی کل را پیش‌بینی می‌کند. این پژوهش با هدف بررسی تاثیر عواملی چون تراکم نشانگرها، تعداد QTL، وراثت‌پذیری صفت و نوع توزیع اثر QTL بر صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی ژنومی با استفاده از داده‌های شبیه‌سازی در گوسفند انجام گرفت. به همین منظور ژنومی متشکل از سه کروموزوم، هر یک به طول ۱۰۰ سانتی‌مورگان با سه مقدار وراثت‌پذیری برای صفت مورد بررسی (۱/۰، ۳/۰ و ۵/۰) و سه پنل نشانگری (۵۰۰، ۱۰۰۰ و ۱۵۰۰) در سه سطح تعداد (۵۰، ۱۰۰ و ۱۵۰) با دو اثر توزیع یکنواخت و گاما برای QTL شبیه‌سازی شدند. صحت ارزش‌های اصلاحی ژنومی برآورد شده با استفاده از پنج روش GBLUP، بیزا، بیزB، بیزC و بیز LASSO مورد مقایسه قرار گرفتند. نتایج این تحقیق نشان داد که هر چه تراکم نشانگر و وراثت‌پذیری صفت افزایش یافته و تعداد QTL موثر بر صفت کمتر باشد، صحت ارزش اصلاحی برآورد شده بالاتر خواهد بود. در بین روش‌های آماری زمانی که تعداد QTL موثر بر صفت پایین است و توزیع اثر QTL گاما در نظر گرفته شد، پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی با روش بیزB عملکرد بهتری داشت.

کلمات کلیدی:

GBLUP، بیزا، بیزB، بیزC، بیزLASSO، ارزش اصلاحی ژنومی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1417397>

