

## عنوان مقاله:

شناسایی ژنهای کاندیدای جدید در اصلاح نژاد توسط روشهای نوین مولکولی

## محل انتشار:

اولین همایش ملی توسعه کشاورزی با رویکرد فناوری های هوشمند (سال: 1402)

تعداد صفحات اصل مقاله: 7

## نویسندگان:

مجید پسندیده - استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران

رضا پسندیده - پژوهشکده میگوی کشور، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (AREEO)، بوشهر، ایران

## خلاصه مقاله:

تاکنون بیشتر پیشرفت ژنتیکی برای صفات کمی با استفاده از ارزش اصلاحی برآورد شده از اطلاعات فنوتیپی صفات بوده است. گسترش تراشه‌های SNP و روشهای مقرون به صرفه برای تعیین ژنوتیپ آنها در مقیاس وسیع، امکان استفاده از داده‌های ژنومی در برنامه‌های اصلاح نژاد را فراهم آورده است. با تعیین ژنوتیپ ژنوم توسط تعداد زیادی نشانگر چندشکلی، امکان شناسایی واریانتهای ژنتیکی مرتبط با یک فنوتیپ خاص فراهم میگردد. این کار به اصطلاح، مطالعه گسترده ارتباط ژنومی (GWAS) نامیده شده و بهطور عمده در شناسایی عوامل بیماریزای انسان و ژنهای مسبب صفات مهم اقتصادی حیوانات کاربرد دارد. مطالعه ارتباط ژنومی از تنوع توالی در کل ژنوم (به طور عمده SNPها) همراه با اطلاعات شجره و فنوتیپی بهمنظور انجام آنالیزهای ارتباطی و شناسایی ژنهای برای صفت هدف استفاده میکند. این روش بهجای چند منطقه ژنومی، کل ژنوم را مورد بررسی قرار داده و احتمال شناسایی واریانتهای با اثر کم و ژنهای کاندیدا جدید را فراهم مینماید.

## کلمات کلیدی:

انتخاب به کمک نشانگر، انتخاب ژنومی، ژنهای کاندیدا، مطالعه گسترده ارتباط ژنومی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1757506>

