

عنوان مقاله:

اثر توزیع اثرات QTL ها بر صحت ارزشهای اصلاحی ژنومی تک صفتی و چند صفتی

محل انتشار:

اولین کنگره بین المللی و سیزدهمین کنگره ژنتیک ایران (سال: 1393)

تعداد صفحات اصل مقاله: 1

نویسنده:

صاحب فروتنی فر - عضو هیئت علمی گروه علوم دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی کرمانشاه

خلاصه مقاله:

مطالعات مختلف مزایای ارزشهای اصلاحی ژنومی که توسط نشانگرهای پراکنده شده در کل سطح ژنوم برآورد می شوند را گزارش کردند. از عوامل تاثیر گذار بر صحت ارزشهای اصلاحی ژنومی می توان به توارث پذیری، اندازه جمعیت مرجع، روش برآورد ارزشهای اصلاحی ژنومی و عدم تعادل پیوستگی بین نشانگرها و QTL ها اشاره کرد. به منظور بررسی اثر توزیع اثرات QTL ها بر صحت ارزشهای اصلاحی ژنومی تعداد 100 حیوان غیرخویشاوند برای 50 نسل، جهت ایجاد عدم تعادل پیوستگی بین جایگاه ها آمیزش تصادفی داشتند برای هر حیوان ژنومی با طول 10 مورگان و تعداد 10 کروموزوم با طول یکسان 1 مورگان، شبیه سازی شد. تعداد 1000 نشانگر SNP در فواصل مساوی بر روی هر کروموزوم قرار گرفتند. تعداد QTL های موثر بر صفات 200 عدد بودند، که اثرات جایگزینی آنها از یکی از توزیع های نرمال، گاما و یکنواخت گرفته شدند. تعداد صفات در نظر گرفته شده دو صفت با توارث پذیری 0/6 و 0/1 بودند که دوهمبستگی 0/6 و 0/1 بین آنها اعمال شد از روش BLUP و تجزیه های تک و چندصفتی برای برآورد اثر نشانگرها استفاده شد. نتایج حاصل نشان داد که وقتی همبستگی بین صفات بالا بود آنالیزهای چندصفتی نسبت به آنالیزهای تک صفتی باعث افزایش صحت ارزشهای اصلاحی ژنومی صفت با توارث پذیری پایین شد. توزیع اثرات QTL ها تاثیر معنی داری بر صحت ارزشهای اصلاحی ژنومی هیچ یک از صفات با توارث پذیری بالا و پایین و همچنین برای آنالیزهای تک و چندصفتی نداشت

کلمات کلیدی:

انتخاب ژنومی، تجزیه تک صفتی، تجزیه چندصفتی، توزیع اثرات QTL

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/328930>

