

عنوان مقاله:

مقایسه صحت پیش بینی ارزش های اصلاحی GBLUP و RRBLUP براساس داده های ژنومی

محل انتشار:

سومین همایش سراسری محیط زیست، انرژی و پدافند زیستی (سال: 1394)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسندگان:

شهین نجفی - دانشجوی کارشناسی ارشد

هدایت اله روشنفر - عضو هیات علمی دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین

جمال فیاضی - عضو هیات علمی دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین

یحیی محمدی - عضو هیات علمی دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین

خلاصه مقاله:

انتخاب ژنومیک در حال حاضر در برخی برنامه های اصلاح نژادی دنیا در حال اجرا است با این وجود هنوز مشکلاتی دامنگیر این تکنولوژی است از جمله مطابقت دادن برنامه های ارزیابی ملی با اطلاعات ژنومیک، انتخاب بین نژادها، نحوه مدیریت پیشرفت ژنتیکی در طولانی مدت، کنترل هم خونی و مشکلات محاسباتی. به این منظور ژنومی به طول 10 مورگان و تعداد 10 کروموزوم با طول یکسان 1 مورگان شبیه سازی شد. تعداد مارکر بر روی هر کروموزوم 1000 عدد در نظر گرفته شد، تعداد 200 QTL بطور تصادفی بر روی کل سطح ژنوم پخش شدند. جمعیت شبیه سازی شده شامل اندازه جمعیت موثر نسل پایه 100 حیوان (50 نر و 50 ماده) غیر خویشاوند و 50 نسل آمیزش بصورت کاملاً تصادفی جهت ایجاد عدم تعادل پیوستگی بین جایگاهها در نظر گرفته شد. جمعیت مرجع را نسل های 51 تا 67 تشکیل داد. برای حیوانات نسل 51 تا 67 یک ارزش فنوتیپی شبیه سازی گردید و در نتیجه این حیوانات هم دارای رکورد فنوتیپی و هم ژنوتیپی می باشند. در همه نسل های 52 تا 67 ارزیابی و انتخاب حیوانات برای حیوانات جوان فاقد فنوتیپ صورت گرفت. ارزش های اصلاحی افراد با استفاده از روش BLUP برآورد گردید. نتایج مشاهده شده نشان داد که بیشترین میزان دقت برای روش RRBLUP و کمترین میزان دقت برای روش GBLUP می باشد. از مقایسه نتایج به دست آمده با نتایج سایر مطالعات صورت گرفته این نتیجه حاصل شد که انتخاب یک مدل مناسب برای تمامی شرایط غیر ممکن خواهد بود چراکه عوامل مختلفی دقت انتخاب انواع روش ها را تحت تاثیر قرار می دهند.

کلمات کلیدی:

عدم تعادل پیوستگی، دقت انتخاب، نشانگر، شبیه سازی، BLUP

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/402347>

