

عنوان مقاله:

مقایسه روش های آماری پارامتری و بازنمونه گیری در ارزیابی صفات کمی با ساختار ژنتیکی متفاوت

محل انتشار:

فصلنامه تولیدات دامی، دوره 19، شماره 1 (سال: 1396)

تعداد صفحات اصل مقاله: 12

نویسندگان:

منوچهر مرادی - دانش آموخته کارشناسی ارشد، دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج، کرج- ایران

رستم عبداللهی آریناهی - استادیار، گروه علوم دام و طیور، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، تهران- ایران

بهزاد همتی - دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج، کرج- ایران

ابوالقاسم لواف - دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج، کرج- ایران

خلاصه مقاله:

هدف از این مطالعه مقایسه سه روش پارامتری (GBLUP، RKHS BayesB) و دو روش باز نمونه گیری (Bagging GBLUP و Random Forest) در پیش بینی ارزش های اصلاحی ژنومیک برای صفاتی با ساختار ژنتیکی متفاوت بود. یک ژنوم با سه کروموزوم، هر کروموزوم به طول یک مورگان شبیه سازی شد و روی آن 1500 نشانگر تک نوکلئوتیدی (SNP) در سه سناریو 50، 100 و 200 QTL به طور یکنواخت پخش شدند. اثر جایگزینی QTLها با استفاده از توزیع نرمال استاندارد، گاما و یکنواخت با وراثت پذیری 30 درصد مدل سازی شدند. توانایی پیش بینی روش های آماری با استفاده از آماره های همبستگی بین ارزش های اصلاحی پیش بینی شده و واقعی و همچنین رگرسیون ارزش اصلاحی واقعی بر پیش بینی شده بررسی شد. نتایج نشان داد در جمعیت های RF باعث بیش-برآورد رگرسیون ارزش های اصلاحی واقعی بر پیش بینی شده شد، در حالی که روش های BayesB و GBLUP و RKHS منجر به کم-برآورد ضریب رگرسیون شدند. به جز روش Bagging GBLUP در دیگر روش ها تفاوت معنی داری با تغییر توزیع اثرات QTL مشاهده نشد اما در مجموع عملکرد دو روش GBLUP و BayesB نسبت به دیگر روش ها بهتر بود. یکی از دلایل احتمالی برتری GBLUP و BayesB بر دیگر روش ها می تواند شبیه سازی صفات با اثرات صرفاً ژنتیکی افزایشی بوده باشد. به طور کلی، روش های GBLUP و BayesB بر روش های باز نمونه گیری در پیش بینی های ژنومی ارجحیت دارند

کلمات کلیدی:

ارزیابی ژنومی، جنگل تصادفی، فضای تولید هسته هیلبرت، کیسه بندی شده، معماری ژنتیکی، یادگیری ماشین

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/752452>

