

Ocena wartości hodowlanej

Dr Agnieszka Suchecka

Wartość hodowlana

- ▶ genetycznie uwarunkowane możliwości zwierzęcia do ujawnienia określonej produktywności oraz zdolność przekazywania ich potomstwu (wartość genów osobnika dla jego potomstwa)
- ▶ suma średnich efektów działania alleli w danym genotypie (addytywna wartość genetyczna), nie może być zmierzona dlatego szacujemy wartość hodowlaną (\widehat{G}_i) w oparciu o różne źródła informacji
- ▶ jest wyrażona w jednostkach badanej cechy

Szacowanie wartości hodowlanej - jedno źródło informacji

$$\hat{G}_i = b_{GP}(P_i - \bar{P}) + \bar{P}$$

Gdzie:

- ▶ \hat{G}_i - szacowana wartość hodowlana
- ▶ \bar{P} –średnia wartość fenotypowa w populacji
- ▶ P_i - wartość fenotypowa - źródło informacji (wydajność własna lub krewnych)
- ▶ b_{GP} - współczynnik regresji wartości hodowlanej na wartość fenotypową jest jednym z równoważnych określeń odziedziczalności h^2

Komponenty wariacji fenotypowej:

$$\sigma_P^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2 + \sigma_{G*E}^2$$

Gdzie:

- ▶ σ_P^2 = **zmiennosc fenotypowa** - zmienność pomierzonej wartości cechy u osobnika
- ▶ σ_G^2 = **zmiennosc genetyczna**- zmienność średniej wartości cechy osobników o danym genotypie w przeciętnych warunkach środowiskowych.

Najważniejsze składowe:

- ▶ σ_A^2 = **zmiennosc addytywna**, σ_D^2 - **zmiennosc dominacyjna** (współdziałanie genów w parach), σ_I^2 = **zmiennosc interakcyjna** (epistatyczna, współdziałania genów z różnych loci)
- ▶ σ_E^2 = **zmiennosc środowiskowa**- wpływ czynników środowiskowych odbiegających od przeciętnych.

Najważniejsze składowe:

- ▶ $\sigma_{E_p}^2$ = **zmiennosc środowiskowa stała** (systematyczna), $\sigma_{E_t}^2$ - **zmiennosc środowiskowa chwilowa** (losowa)
- ▶ σ_{G*E}^2 = **zmiennosc wywołana interakcją genotyp - środowisko**

Wykorzystywane parametry genetyczne

- ▶ Odziedziczalność (h^2)
- ▶ Powtarzalność (R_e)
- ▶ Korelacje (R)

Odziedziczalność

Odziedziczalność to siła związku pomiędzy fenotypem zwierzęcia a wartością genów osobnika dla jego potomstwa (wartością hodowlaną). Jeśli cecha jest wysoko odziedziczalna, fenotyp zwierzęcia jest bardzo dobrym źródłem informacji na temat jego genów. Gdy odziedziczalność jest wysoka, obserwujemy większe podobieństwo fenotypowe między blisko spokrewnionymi osobnikami.

W szerszym zakresie

$$H^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2}$$

Udział całkowitej zmienności genetycznej w całkowitej zmienności fenotypowej

W węższym zakresie

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2}$$

W jakim stopniu fenotypowa różnica pomiędzy dwoma osobnikami jest wynikiem addytywnej genetycznej różnicy między nimi

Odziedziczalność

- ▶ Niska (<0,16), średnia (0,16-0,4) lub wysoka (>0,4)
- ▶ Dotyczy określonej populacji i jest zmienna w czasie, oszacowania wymagają regularnych powtórzeń
- ▶ Może być interpretowana również jako:
 - ▶ Współczynnik regresji wartości genetycznej (Y) na fenotypową (X) - $b_{YX} = \frac{cov_{XY}}{V_X}$
 - ▶ Współczynnik korelacji dla wartości genetycznej i fenotypowej do potęgi drugiej

$$R_{XY} = \frac{cov_{XY}}{\sqrt{V_X * V_Y}}$$

$$h^2 = R_{XY}^2$$

Odziedziczalność

Najważniejsze metody szacowania:

- ▶ - analiza regresji - $h^2 = 2b$ gdzie b jest współczynnikiem regresji wartości cechy potomka na średnią wartość fenotypową rodzica
- ▶ - analiza wariancji - $h^2 = 4t$ gdzie t jest współczynnikiem korelacji wewnątrzklasowej
- ▶ - metoda największej wiarygodności z restrykcjami (REML z ang. *restricted/residuals maximum likelihood*)

Szacowanie odziedziczalności - Analiza wariancji

klasyfikacja pojedyncza

- ▶ Populacja podzielona na grupy rodzinowe (najczęściej córki po ojcach) z pomierzoną wartością cechy
- ▶ **Wymagania i założenia:**
 - ▶ jednorodne wariancje dla poszczególnych grup ojcowskich
 - ▶ liczebność grupy ojcowskiej nie mniejsza niż 10
 - ▶ co najmniej kilkadziesiąt grup ojcowskich
 - ▶ wymagany jest rozkład normalny (w przypadku testowania hipotez)
 - ▶ spokrewnienie w ramach jednej grupy ojcowskiej powinno wynosić **0,25**
 - ▶ spokrewnienie między osobnikami z różnych grup ojcowskich powinno być **równe zeru.**

Szacowanie odziedziczalności - Analiza wariancji klasyfikacja pojedyncza cd.

Model:

$$y_{ij} = \mu + s_i + e_i$$

gdzie:

- ▶ y_{ij} – obserwacja j -tego potomka po i -tym ojcu
- ▶ μ – średnia ogólna
- ▶ s_i – efekt losowy i -tego ojca
- ▶ e_{ij} – losowy efekt resztowy związany z obserwacją j -tego potomka po i -tym ojcu

Szacowanie odziedziczalności - Analiza wariancji klasyfikacja pojedyncza cd.

Źródła zmienności	Liczba stopni swobody	SKO	ŚKO	Wartość oczekiwana ŚKO
Między grupami	k-1	$SKO_{mg.} = S_1 - S_2$	SKO/Lss	$\sigma_e^2 + n \cdot \sigma_s^2$
Wewnątrz grup	N-k	$SKO_{wg.} = S_0 - S_1$	SKO/Lss	σ_e^2

Gdzie:

Lss - Liczba stopni swobody

SKO - Suma kwadratów odchyłeń; *ŚKO* - Średni kwadrat odchyłeń; *k* - liczba grup;

N - liczba wszystkich obserwacji; *n_i* - liczba obserwacji w grupie *i*;

n. - uśredniona liczebność w grupie

Szacowanie odziedziczalności - Analiza wariancji klasyfikacja pojedyncza cd.

- ▶ Wzory definicyjne:

$$SKO_{mg.} = \sum (\bar{x}_i - \bar{x})^2 \quad SKO_{wg.} = \sum (x_{ij} - \bar{x}_i)^2$$

- ▶ Wzory robocze:

$$S_0 = \sum x_{ij}^2 \quad S_1 = \sum \frac{(\sum x_i)^2}{n_i} \quad S_2 = \frac{(\sum x_{ij})^2}{N}$$

- ▶ Układ nieortogonalny, uśredniona liczebność grup (k):

$$n. = \frac{1}{k-1} \left[N - \frac{1}{N} \sum_i n_i^2 \right]$$

- ▶ Odziedziczalność:

$$h^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_e^2}$$

Powtarzalność

- ▶ Stopień siły zależności między powtarzanymi wartościami fenotypowymi osobnika dla danej cechy.
- ▶ Można ją określić dla cech, w których można wykonać kolejne - powtórzone oceny fenotypu w kolejnych okresach użytkowania (liczebność miotu, wydajność mleczna w kolejnych laktacjach)
- ▶ Przyjmuje wartości od h^2 do 1

$$R_e = \frac{\sigma_A^2 + \sigma_{E_P}^2}{\sigma_P^2} = \frac{\sigma_A^2 + \sigma_{E_P}^2}{\sigma_A^2 + \sigma_{E_P}^2 + \sigma_{E_t}^2}$$

Szacowanie powtarzalności - Analiza wariancji klasyfikacja pojedyncza

Źródła zmienności	Liczba stopni swobody	SKO	ŚKO	Wartość oczekiwana ŚKO
Między grupami	k-1	$SKO_{mg.} = S_1 - S_2$	SKO/Lss	$\sigma_e^2 + n \cdot \sigma_c^2$
Wewnątrz grup	N-k	$SKO_{wg.} = S_0 - S_1$	SKO/Lss	σ_e^2

Powtarzalność:

$$R_e = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_c^2 + \sigma_e^2}$$

Zadania

Zad. 1. Oszacuj odziedziczalność czasu potrzebnego do przebycia jednej mili przez konie, wiedząc, że dane stanowiły obserwacje z 5 grup półrodzeństwa o liczebnościach odpowiednio: 5, 4, 3, 6, 6. Sumy kwadratów dla zmienności między grupami półrodzeństwa i wewnątrz tych grup wynosiły odpowiednio: 228,0 i 742,0.

Zad. 2. Analizowano zawartość tłuszczu w pierwszej laktacji. Próba składała się z 15 grup ojcowskich o liczebnościach równych odpowiednio: 21, 30, 48, 33, 42, 16, 5, 42, 50, 45, 47, 22, 38, 40, 29. Suma kwadratów dla źródła zmienności między grupami ojcowskimi wyniosła 45,49 a wewnątrz grup: 275,57. Oszacuj h^2 analizowanej cechy.

Zad. 3. Oszacuj powtarzalność grubości skorupy jaj, wiedząc, że materiał stanowiły po 4 obserwacje od 40 ptaków. Suma kwadratów dla zmienności między ptakami: 360,0, a wewnątrz: 115,0.

Zadania cd

Zad. 4. Oszacuj powtarzalność wydajności wełny na podstawie obserwacji dokonanych kilkakrotnie na 10 owcach. Ilość pomiarów na kolejnych sztukach wynosiła: 2, 3, 3, 2, 4, 3, 3, 4, 4, 3. Suma kwadratów dla zmienności między owcami wyniosła 65,32, a „wewnątrz owiec” (między kolejnymi pomiarami dla zwierzęcia) 39,12.

Zad. 5. Oszacuj odziedziczalność ciężaru cieląt przy odsadzaniu u bydła mięsnego wiedząc, że materiał stanowiły cielęta z 12 grup ojcowskich, których liczebność była jednakowa i wynosiła 10 sztuk, a sumy kwadratów wynosiły: dla zmienności między grupami ojcowskimi 68,4, dla zmienności wewnątrz tych grup 385,5.

Dokładność oceny wartości hodowlanej (R)

Korelacja między wartością hodowlaną, a źródłem informacji (wartością fenotypową) na podstawie którego szacuje się wartość hodowlaną.

Informuje nas o zgodności pomiędzy przewidywaną a prawdziwą wartością hodowlaną i zależy od:

- ▶ współczynnika odziedziczalności (h^2)
- ▶ rodzaju źródła informacji, ocena na podstawie:
 - ▶ własnego fenotypu
 - ▶ duża dokładność przy wysokiej odziedziczalności
 - ▶ rośnie wraz ze wzrostem liczby pomiarów (m), szczególnie przydatna przy niskiej odziedziczalności i powtarzalności (Re)

Dokładność oceny wartości hodowlanej cd.

- ▶ pojedynczego krewnego
 - ▶ bardzo mała dokładność - rodzic, potomek, pełne rodzeństwo: (2 razy mniejsza dokładność niż własny fenotyp); półrodzeństwo, dziadek: (4 razy mniejsza dokładność)
- ▶ grupy krewnych:
 - ▶ rośnie wraz ze wzrostem liczby krewnych (n)
 - ▶ rośnie wraz ze wzrostem spokrewnienia z grupą krewnych (r)
 - ▶ spada wraz ze wzrostem spokrewnienia w obrębie grupy krewnych o czym pośrednio informuje współczynnik korelacji wewnątrzklasowej (t)

Źródła informacji o wartości hodowlanej	R współczynnik korelacji, dokładność oceny	b współczynnik regresji
Własny fenotyp (P_i)	h	h^2
Fenotyp pojedynczego krewnego (P_i)	rh	rh^2
Średnia grupy krewnych (\bar{P}_n)	$r \sqrt{\frac{nh^2}{1+(n-1)t}}$	$r \frac{nh^2}{1+(n-1)t}$
Średnia z wielokrotnych pomiarów (\bar{P}_m)	$\sqrt{\frac{mh^2}{1+(m-1)Re}}$	$\frac{mh^2}{1+(m-1)Re}$
Cecha skorelowana	$r_G h$	$r_G h^2 \frac{\sigma_{G1}}{\sigma_{G2}}$

h^2 - odziedziczalność

h - pierwiastek z h^2 , korelacja pomiędzy fenotypem a wartością hodowlaną;

r - współczynnik spokrewnienia osobnika i krewnego

n - liczba krewnych

t - współczynnik korelacji wewnątrzklasowej w grupie ($t = r_G h^2$ jeśli podobieństwo wynika tylko z pokrewieństwa)

m - liczba pomiarów

Re - powtarzalność

r_G - korelacja genetyczna

Zadania

Zad 1. Średnia masa ciała myszy przy odsadzeniu wynosi 24,8g, a odziedziczalność dla tej cechy jest równa 0,2. Oszacuj wartość hodowlaną dla myszy o masie ciała przy odsadzeniu: a) 22 g; b) 30 g.

Zad 2. Średnia wydajność tłuszczu w populacji krów wynosi 150 kg. Odziedziczalność tej cechy jest równa 0,3, a powtarzalność 0,6. Oceń wartość hodowlaną każdej z krów na podstawie: a) jej pierwszej laktacji; b) jej wszystkich dostępnych laktacji. Na tej podstawie porównaj uszeregowanie krów i dokładność uzyskanych ocen.

Krowa	laktacja			
	1	2	3	4
I	156	158	162	-
II	148	150	160	166
III	155	152	163	-

c) porównaj wartości hodowlane i dokładność oceny dla syna krowy I oraz półbrata krowy I.

Zadania cd

Zad 3. Porównaj dokładność oceny wartości hodowlanej na podstawie:

- a) Pięciu sztuk potomstwa będącego półrodzeństwem
- b) Dwudziestu sztuk potomstwa będącego półrodzeństwem
- c) Pięciu sztuk półrodzeństwa osobnika (będącego dla siebie półrodzeństwem)

Przyjmij odziedziczalność równą A. $h^2=0.64$ oraz B. $h^2=0.16$

Zad 4. Odziedziczalność dla wydajności mleka w pewnej populacji jest równa 0,25, natomiast powtarzalność dla tej wydajności w kolejnych laktacjach wynosi 0,35. O ile wzrośnie dokładność oceny wartości hodowlanej jeśli zamiast wydajności z 1 laktacji wykorzystamy średnią z trzech?

Zad 5. U świń interesuje nas ocena wartości hodowlanej pod względem dwóch cech - średni przyrost dzienny oraz wykorzystanie paszy. Korelacja między nimi jest wysoka i dodatnia. Dostępne dane: $r_G=+0,72$ - korelacja; $h^2=0,44$ - średni przyrost dzienny; $h^2=0,32$ - wykorzystanie paszy. Jak zmieni się dokładność oceny wartości hodowlanej w zależności od wybranej cechy na podstawie której będziemy oceniać?