

Zarządzanie populacjami zwierząt

Depresja inbredowa

Ocena efektów krzyżowania

- przyrost inbredu na pokolenie jest funkcją efektywnej wielkości stada (populacji)

$$\Delta F = \frac{1}{2N_e}$$

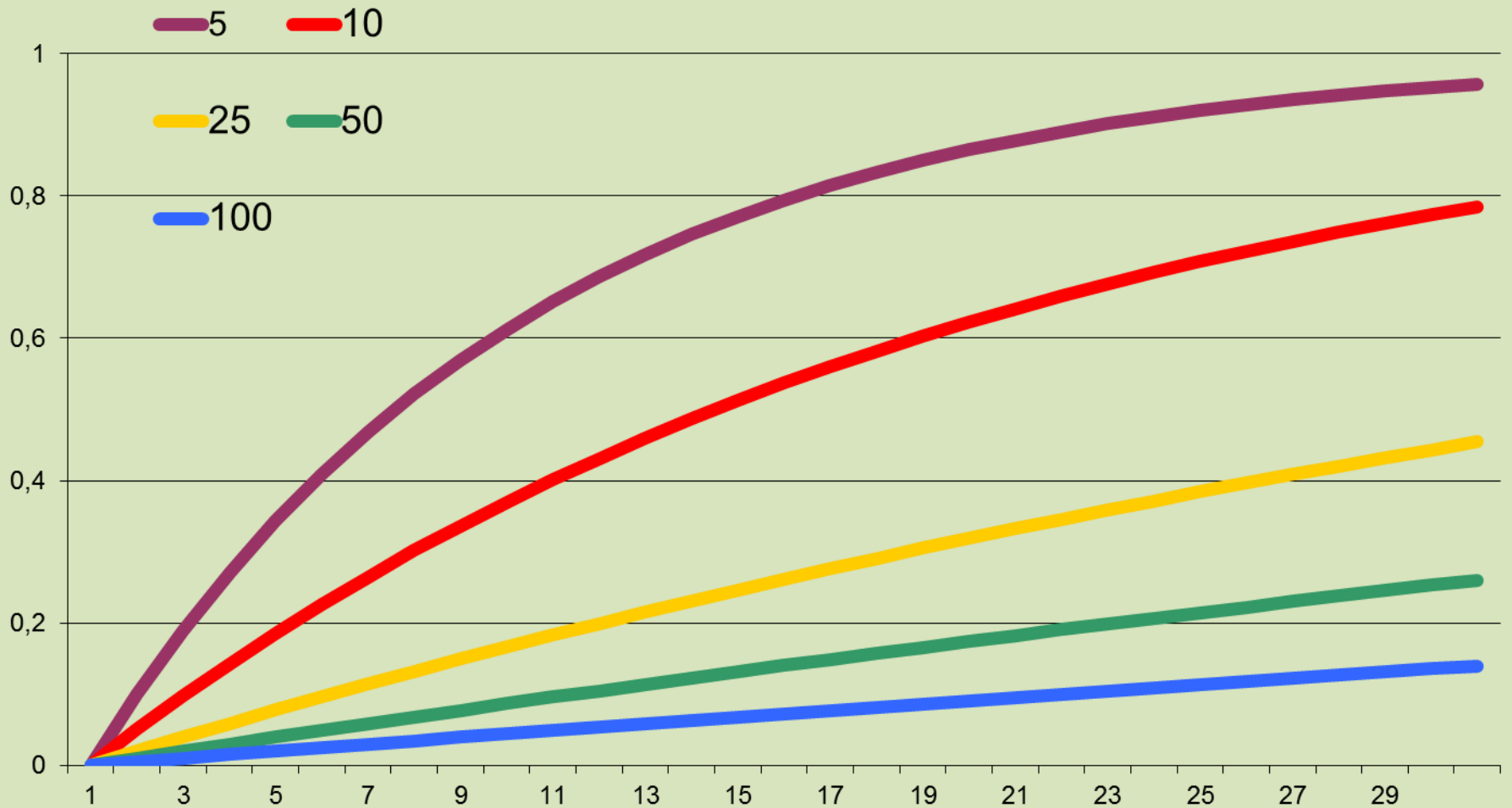
- wielkość inbredu w pokoleniu t w populacji

$$F_t = F_{t-1} + \Delta F(1 - F_{t-1})$$

- o jednakowej efektywnej wielkości

$$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t$$

Poziom inbredu w pokoleniach zależnie od N_e



$$F_t = 1/2(1 + F_{t-1})$$

$$F_t = 1/4(1 + 2F_{t-1} + F_{t-2})$$

pokolenie

samozapłodnienie

kojarzenia FS

1	0	0
2	0,5	0,25
3	0,75	0,375
4	0,875	0,5
5	0,9375	0,59375
6	0,96875	0,671875
7	0,984375	0,734375
8	0,9921875	0,78515625
9	0,99609375	0,826171875
10	0,998046875	0,859375
11	0,999023438	0,886230469
12	0,999511719	0,907958984
13	0,999755859	0,925537109
14	0,99987793	0,939758301
15	0,999938965	0,951263428
16	0,999969482	0,960571289
17	0,999984741	0,968101501
18	0,999992371	0,974193573
19	0,999996185	0,979122162

Narastanie
poziomu
inbredu

Inbred w modelu jednego *locus*

W populacji frekwencje genotypów AA, Aa, aa wynoszą p^2 , $2pq$ i q^2 . W populacji z kojarzeniami w pokrewieństwie genotypy homozygotyczne są częstsze, zatem frekwencja genotypów niech będzie $p^{2+\varepsilon}$, $2pq-2\varepsilon$ i $q^{2+\varepsilon}$.

Wartość ε możemy wyznaczyć opierając się na definicji inbredu jako korelacji między gametami, zakładając wartość gamety z allelem A na poziomie 1, a gamety z allelem a równą 0.

Inbred w modelu jednego *locus*

Gameta żeńska oznaczona będzie przez X, a męska literą Y.
Rozkład alleli w gamecie

allel	częstość
A	p
a	q

$$EX = EY = p$$

$$D^2X = D^2Y = pq$$

W wyniku kojarzenia dochodzi do połączenia gamet:

gameta X		gameta Y		XY	częstość
allel	wartość	allel	wartość		
A	1	A	1	1	$p^2 + \varepsilon$
A	1	a	0	0	$pq - \varepsilon$
a	0	A	1	0	$pq - \varepsilon$
a	0	a	0	0	$q^2 + \varepsilon$

Inbred w modelu jednego *locus*

$$E_{XY} = 1 \times (p^2 + \varepsilon) + 0 \times (pq - \varepsilon) + 0 \times (pq - \varepsilon) + 0 \times (q^2 + \varepsilon) = p^2 + \varepsilon$$

$$COV_{XY} = E_{XY} - E_X \times E_Y = p^2 + \varepsilon - p^2 = \varepsilon$$

$$F = \frac{\varepsilon}{pq}$$

$$\varepsilon = pqF$$

w populacji z inbredowanej

genotyp	częstość
AA	$p^2 + pqF$
Aa	$2pq(1-F)$
aa	$q^2 + pqF$

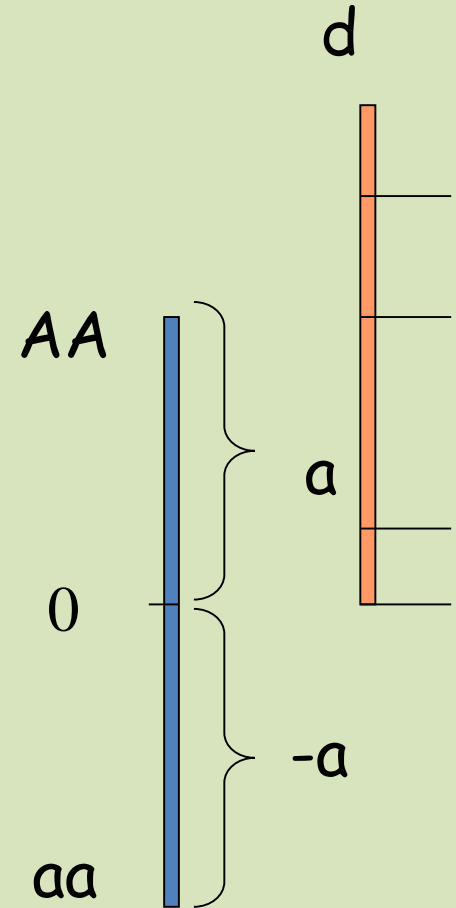
Depresja inbredowa (ID)

w jednym *locus*

$$ID = -2pq \cdot d \cdot F$$

dla wielu *loci*

$$ID = -2 \cdot F \sum p_i q_i d_i$$



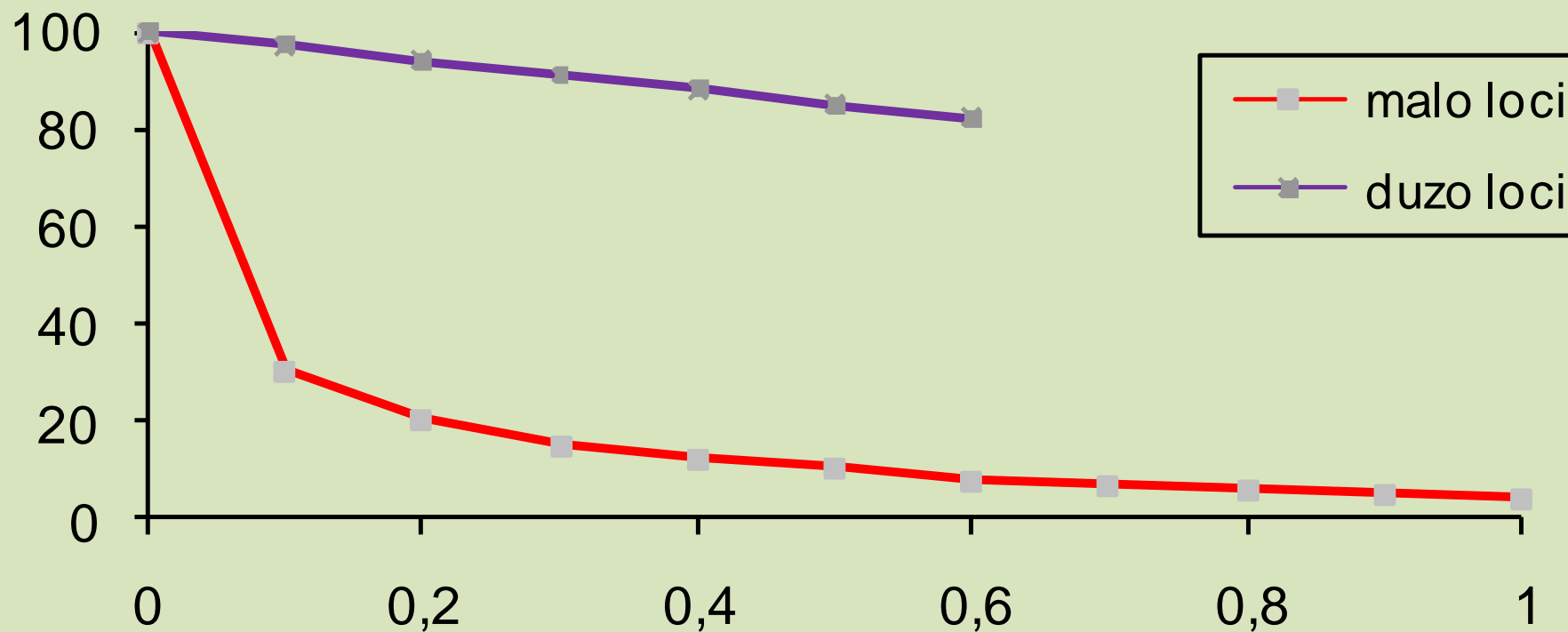
Depresja inbredowa

Różnica między średnią wartością cechy w populacji zinbredowanej i outbredowej

Może być względna (względem populacji outbredowej)

$$\delta = \frac{m_{inb} - m_{out}}{m_{out}} = \frac{ID}{m_{out}} = \frac{m_{inb}}{m_{out}} - 1$$

Wyjaśnienie depresji inbredowej: dużo *loci* o małym efekcie albo mało *loci* o dużym efekcie



ocena depresji inbredowej dla przeżywalności S

W przedziałowym szeregu rozdzielczym

$$\ln S = \beta_0 + \beta_1 F$$

$$e^{\beta_0}$$

szacowana przeżywalność w populacji outbredowej bo $F=0$

$$e^{\beta_0 + \beta_1}$$

szacowana przeżywalność w populacji inbredowej

$$2\beta_1$$

letalny równoważnik genotypu

Przykład dla okapi:

$$\ln S = -0,48 - 1,80 \cdot F$$

$$e^{-0,48} = 0,619$$

$$\text{Jeśli } F=0,25 \quad e^{-0,48-0,25 \cdot 1,80} = 0,395$$

$$\delta_{0,25} = \frac{0,395 - 0,619}{0,619} = \frac{-0,224}{0,619} = -0,36$$

Jeśli przeżywalność będzie zmienną o rozkładzie dwupunktowym

Regresja logistyczna:

$$S = \frac{e^{\beta_0 + \beta_1 F}}{1 + e^{\beta_0 + \beta_1 F}}$$

Analiza wariancji

$$S_{ij} = \beta_0 + \alpha_i + \beta_1 F_{ij} + e_{ij}$$

Poziom inbredu dla populacji w niewoli

Gatunek	N	Średni inbred	% osobników o $F > 0$
Lew azjatycki (<i>Panthera leo persica</i>)	151	0,197	80,8
Koń Przewalskiego (<i>Equus przewalskii</i>)	1940	0,207	95,7
Hipopotam karłowaty (<i>Choeropsis liberiensis</i>)	641	0,057	25,9
Muntiak (<i>Muntiacus reevesi</i>)	136	0,112	69,1
Jeleń (<i>Cervus eldi thamin</i>)	314	0,110	51,6
Gaur (<i>Bos gaurus</i>)	518	0,145	69,5
Żubr (<i>Bison bonasus</i>)	2878	0,247	93,8
Gazela dorkas (<i>Gazella dorcas</i>)	184	0,118	60,3
Gazela spekei (<i>Gazella spekei</i>)	164	0,166	82,9

Wielkość depresji inbredowej

gatunek	cecha	Depresja na 1% of F	
		absolutna	względna [%]
bydło	Wydajność mleka	- 12 ; -19 kg	0.32 - 0.5
	Wydajność tłuszczu	-0.84 kg	0.51
trzoda	Wielkość miotu (dzień 0)	-0.02 szt	0.46
	Wielkość miotu (wiek 5 m-cy)	-0.044 szt	0.55
	Masa ciała (5 m-cy)	-0.153 kg	0.27
owce	Wydajność wełny	-0.03 kg	0.55
	wysadność	-0.012 cm	0.13
	Masa ciała (1 rok)	-0.132 kg	0.37
kury	nieśność	-0.93 szt	0.62
	% wyklucia	-0.436 %	0.64
	Masa ciała	-0.001 kg	0.50

Wpływ inbrodu na śmiertelność młodych

gatunek	% śmiertelności		P	Liczebność	
	F=0	F>0		F=0	F>0
kudu	28,6	27,3	ns	14	11
zebra	25,9	40,0	ns	27	5
jeleń Dawida	11,8	13,6	ns	17	22
żyrafa	21,4	60,0	,107	14	5
słoń indyjski	15,3	66,7	,025	13	6
hipopotam karłowaty	24,5	54,9	,000	184	51
oryks	0,1	100	,000	37	5

Depresja inbredowa u wilka (*Canis lupus*)

Cecha	N	Wielkość depresji na 1 % inbredu
Masa ciała w wieku 8 m-cy [kg]	48	-0,232***
Długość życia [dni]	129	-14,78
Plenność samic [szt]	36	-0,027

rzząd	gatunek	Wiek [dni]	N	Dokładność oszacowania	Koszt inbrodu F=0.25 [%]
torbacze	opos	75	251	0.80	10
	walabia	180	17	0.47	34
naczelne	lemur czarny	180	43	0.87	50
	lemur brązowy	180	136	0.94	90
	makak	180	237	0.56	7
	szympan	180	247	0.67	23
gryznie	szczur	45	49	0.02	-4
	akuczi	135	36	0.17	42
drapieżne	wilk grzywiasty	180	338	0.77	-19
	tygrys sumatrzański	180	427	0	0,3
nieparzystokopytne	zebra	180	50	-	32
parzystokopytne	hipopotam karłowaty	180	419	0.45	33
	jeleń Dawida	180	39	0.74	15
	żyrafa	180	19	-	43
	kudu	180	25	-	-1
	bongo	180	74	0.74	-15
	gaur	180	182	0.36	12
	oryks	180	81	-	69
	gazela Spekes'a	30	64	0.92	54

Ocena efektów krzyżowania

Krzyżowanie model jednego *locus*

Populacja nr 1: frekwencje alleli **p** oraz **q**

$$M_{p1} = a(p-q) + 2dpq$$

Populacja nr 2: frekwencje alleli **p-y** oraz **q+y**

$$\begin{aligned} M_{p2} &= a(p-y-q-y) + 2d(p-y)(q+y) = \\ &= a(p-q-2y) + 2d[(pq+y(p-q)-y^2)] \end{aligned}$$

Średnia dwóch populacji:

$$\begin{aligned} M_p &= \frac{1}{2}(M_{p1} + M_{p2}) = \\ &= a(p-q-y) + d[(2pq+y(p-q)-y^2)] \end{aligned}$$

Krzyżowanie dwóch populacji

			populacja nr 1	
			A ₁	A ₂
			p	q
populacja nr 2	A ₁	p-y	$p(p-y)$	$q(p-y)$
	A ₂	q+y	$p(q+y)$	$q(q+y)$

Frekwencja heterozygot:

$$p(q+y) + q(p-y) = 2pq + y(p-q)$$

Średnia pokolenia F_1 :

$$\begin{aligned}M_{F_1} &= a[p(p-y) - q(q+y)] + d[2pq + y(p-q)] = \\ &= a(p^2 - py - q^2 - qy) + d[2pq + y(p-q)] = \\ &= a(p-q-y) + d[2pq + y(p-q)]\end{aligned}$$

Średnia dwóch populacji:

$$M_p = a(p-q-y) + d[(2pq + y(p-q)) - y^2]$$

Heterozja w pokoleniu F_1 :

$$H_{F_1} = M_{F_1} - M_p = dy^2$$

Kojarzenie w obrębie F_1 – pokolenie F_2

		A_1	A_2
		$p^{-1/2}y$	$q^{+1/2}y$
A_1	$p^{-1/2}y$	$(p^{-1/2}y)^2$	$(p^{-1/2}y)(q^{+1/2}y)$
A_2	$q^{+1/2}y$	$(q^{+1/2}y)(p^{-1/2}y)$	$(q^{+1/2}y)^2$

Frekwencja heterozygot:

$$2(p^{-1/2}y)(q^{+1/2}y) = 2pq + py - qy - 1/2y^2 = 2pq + y(p - q) - 1/2y^2$$

Średnia pokolenia F_2 :

$$\begin{aligned}M_{F_2} &= a[(p-1/2y)^2 - (q+1/2y)^2] + d[2pq + y(p-q) - 1/2y^2] = \\ &= a[(p-1/2y+q+1/2y)(p-1/2y-q-1/2y) + d[2pq + y(p-q) - 1/2y^2]] = \\ &= a(p-q-y) + d[2pq + y(p-q) - 1/2y^2]\end{aligned}$$

Średnia pokolenia wyjściowego:

$$M_p = a(p-q-y) + d[2pq + y(p-q) - 1/2y^2]$$

Heterozja w pokoleniu F_2 :

$$H_{F_2} = M_{F_2} - M_p = 1/2dy^2$$

Przykład

a	2												
d	7				A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2						
				P1	0,16	0,48	0,36		M_{p1}	2,96			
	p1	p2		P2	0,64	0,32	0,04		M_{p2}	3,44		M_p	3,2
A_1	0,4	0,8		F1	0,32	0,56	0,12		M_{F1}	4,32		H_{F1}	1,12
A_2	0,6	0,2		F2	0,36	0,48	0,16		M_{F2}	3,76		H_{F2}	0,56

a	2												
d	12				A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2						
					0,16	0,48	0,36		M_{p1}	5,36			
	p1	p2			0,64	0,32	0,04		M_{p2}	5,04		M_p	5,2
A_1	0,4	0,8			0,32	0,56	0,12		M_{F1}	7,12		H_{F1}	1,92
A_2	0,6	0,2			0,36	0,48	0,16		M_{F2}	6,16		H_{F2}	0,96

Przykład

a	2												
d	7				A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2						
					0,01	0,18	0,81		M_{p1}	-0,34			
	p1	p2			0,81	0,18	0,01		M_{p2}	2,86		M_p	1,26
A_1	0,1	0,9			0,09	0,82	0,09		M_{F1}	5,74		H_{F1}	4,48
A_2	0,9	0,1			0,25	0,5	0,25		M_{F2}	3,5		H_{F2}	2,24

a	2												
d	12				A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2						
					0,01	0,18	0,81		M_{p1}	0,56			
	p1	p2			0,81	0,18	0,01		M_{p2}	3,76		M_p	2,16
A_1	0,1	0,9			0,09	0,82	0,09		M_{F1}	9,84		H_{F1}	7,68
A_2	0,9	0,1			0,25	0,5	0,25		M_{F2}	6		H_{F2}	3,84

Zdolność kombinacyjna

Wariancja między grupami mieszańców:

$$\sigma_c^2 = F\sigma_G^2 + F^2\sigma_D^2 + F^2\sigma_{GG}^2 + F^3\sigma_{GD}^2 + F^4\sigma_{DD}^2 + itd$$

gdzie

F oznacza współczynnik inbrodu wewnątrz linii

$\sigma_G^2; \sigma_{GG}^2; \sigma_{GGG}^2 + itd$ wariancje addytywne

$\sigma_D^2; \sigma_{GD}^2; \sigma_{DD}^2 + itd$ wariancje nieaddytywne

Zdolność kombinacyjna

Ogólna zdolność kombinacyjna:

$$F\sigma_G^2 + F^2\sigma_{GG}^2 + F^3\sigma_{GGG}^2 + itd$$

Szczególna zdolność kombinacyjna:

$$F^2\sigma_D^2 + F^3\sigma_{GD}^2 + F^4\sigma_{DD}^2 + itd$$

Linie czyste		mieszance			
A	23			B*A	35
B	34	A*B	35		
C	28	A*C	38	B*C	36
D	32	A*D	34	B*D	40
E	31	A*E	32	B*E	34

zdolność kombinacyjna

		A	B	C	D	E
A	ogólna	7,625				
	szczególna		6,5	12,5	6,5	5
B	ogólna		5			
	szczególna	6,5		5	7	1,5

← Przewaga mieszańców nad średnią linii czystszych

Selekcja na zdolność kombinacyjną

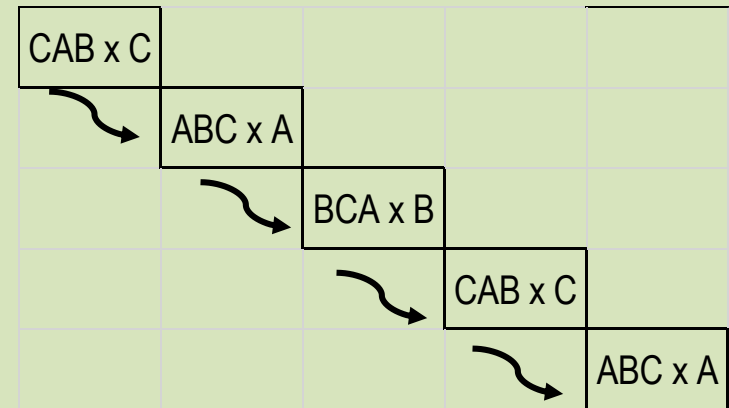
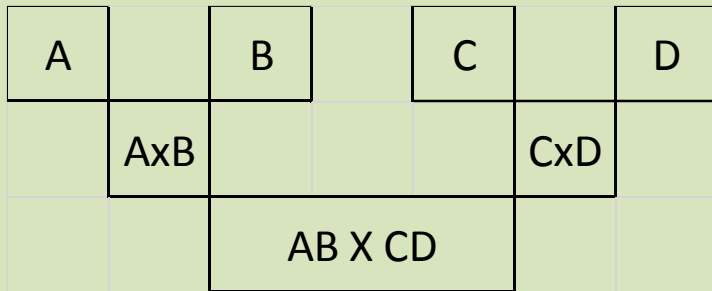
Selekcja przemienna i ponawiana czyli dwóch linii lub jednej.

Polega na tworzeniu par rodziców z dwóch linii (krzyżowaniu) i wybieraniu tych rodziców, którzy dali najlepsze potomstwo, następnie kojarzeniu ich w obrębie linii.

Krzyżowanie towarowe

Można podzielić na

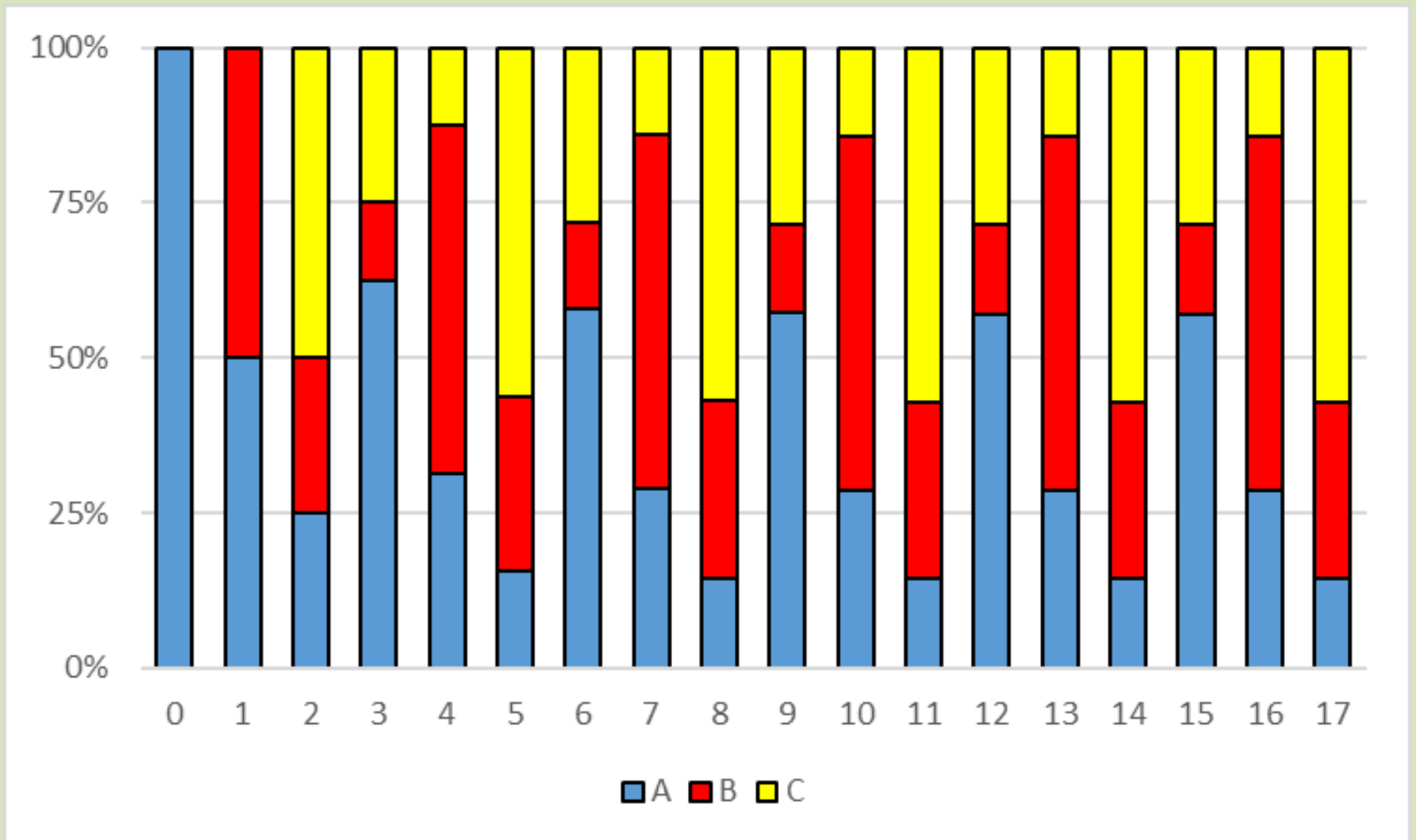
- terminowe
- rotacyjne



oraz zależnie od liczby linii lub ras uczestniczących w systemie:

- dwurasowe
- trzyrasowe itd..

Udział ras w krzyżowaniu rotacyjnym 3-rasowym



Krzyżowanie terminowe i rotacyjne

Przykład 1:

Bydło – 1 cielę odchowane/rok/samicę, długość użytkowania 5 lat, stosunek poligamii 1:100

Utrzymanie 1000 samic mieszańców AB wymaga co najmniej 200 samic remontowych, co powoduje, że liczebności stad czystorasowych muszą wynosić ponad 50% towarowego

Przykład 2:

Trzoda – 16 prosiąt odchowanych/rok/samicę, długość użytkowania 2 lata, stosunek poligamii 1:10

Utrzymanie stada 1000 samic mieszańców AB wymaga 500 samic remontowych, czyli liczebności stad czystorasowych na poziomie około 10%

Krzyżowanie czterorasowe terminowe

bydło

	samice	samce	potomstwo
A	6912,0	69,1	2880,0
B	69,1	0,7	28,8
C	69,1	0,7	28,8
D	0,7	0,0	0,3
A*B	2880,0	28,8	1200,0
C*D	28,8	0,3	12,0
AB*CD	1200,0	12,0	1000,0
		11271,3	

trzoda

	samice	samce	potomstwo
A	3,3	0,3	17,6
B	0,3	0,0	1,8
C	0,3	0,0	1,8
D	0,0	0,0	0,2
A*B	17,6	1,8	93,8
C*D	1,8	0,2	9,4
AB*CD	93,8	9,4	1000,0
		128,8	

Krzyżowanie czterorasowe rotacyjne

bydło

	samice	samce	potomstwo
A	28,8	0,3	12,0
B	28,8	0,3	12,0
C	28,8	0,3	12,0
D	28,8	0,3	12,0
ABCD _{Rot}	1200,0	12,0	1000,0
		1328,4	

trzoda

	samice	samce	potomstwo
A	1,8	0,2	9,4
B	1,8	0,2	9,4
C	1,8	0,2	9,4
D	1,8	0,2	9,4
ABCD _{Rot}	93,8	9,4	1000,0
		110,9	



Dziękuję,
na dzisiaj
wystarczy