

# Zarządzanie populacjami zwierząt

relacje między osobnikami,  
zmienność, wartość hodowlana i

Relacje między osobnikami w  
populacji  
spokrewnienie i inbred

Rodowód  
uporządkowany zestaw  
przodków



# DRZEWO GENEALOGICZNE KACZORA DONALDA



Kaczo 1 Dącio 2 Łącio 3



Diodak 4 Fizio 5



Dącio 13 ? 14



Dącio 15 Kaczo Donald 16



Gąsio Karabiny 17



Kaczo Dżebab 18



Kaczo Kropuszek Fiksal 19



Gąsio Gęś 20



Mizio 6



Matylda Mc Kwacz 21



Sławek Mc Kwacz 22



Wacława Mc Kwacz 23



Kaczo Karawymen 24



Kaczo Karabiny 25



Dącio Kaczo 26



Dżidella Oczko 27



Kaczo Kuperuszek zwany Łopuchtem 28



Belfina Piłuska Kwaczak 29



Lądziś Gęś 30



Kogut Kwaczak 31



Fizio 7



Kaczośka O' Drala 32



Jerzy Mc Kwacz 33



Wacław Mc Kwacz 34



Angus Mc Kwacz zwany Białym 35



Kaczo Arabian 36



Babia Kwaczka z domu Kwaczak 37



Karol Kwaczak zwany Kaczem 38



Greta Gąs 39



Magda de Car 8



Wacławina Man 9



Magda de Car 9



Wacławina Man 8



Magda de Car 9



Kaczośka Mc Kwacz 40



Brada Kropuszek Mc Kwacz 41



Ballarda Drek 42



Kaczośka 43



Gęsiada Potyczek 44



Profesor Kwaczak Kwaczak 45



Kaczośka 46



Kaczośka Kwaczak 47



Kaczośka Kwaczak 48



Kaczośka 10



Sir Rucyfion Mc Kwacz 45



Gąsiek Mc Kwacz zwany Poniższym 46



Malcolin Mc Kwacz 47



Sir Kwaksterer Mc Kwacz 48



Kaczośka 49



Kaczośka 49



Kaczośka 49



Kaczośka Kwaczak 51



Kaczośka Kwaczak 52



Kaczośka Kwaczak 53



Kaczośka 11



Kaczośka 54



Kaczośka 54



Kaczośka 54



Kaczośka 54



Kaczośka 54



Kaczośka 54



Kaczośka 54



Kaczośka 54



Kaczośka 54



Kaczośka 54



Kaczośka 54

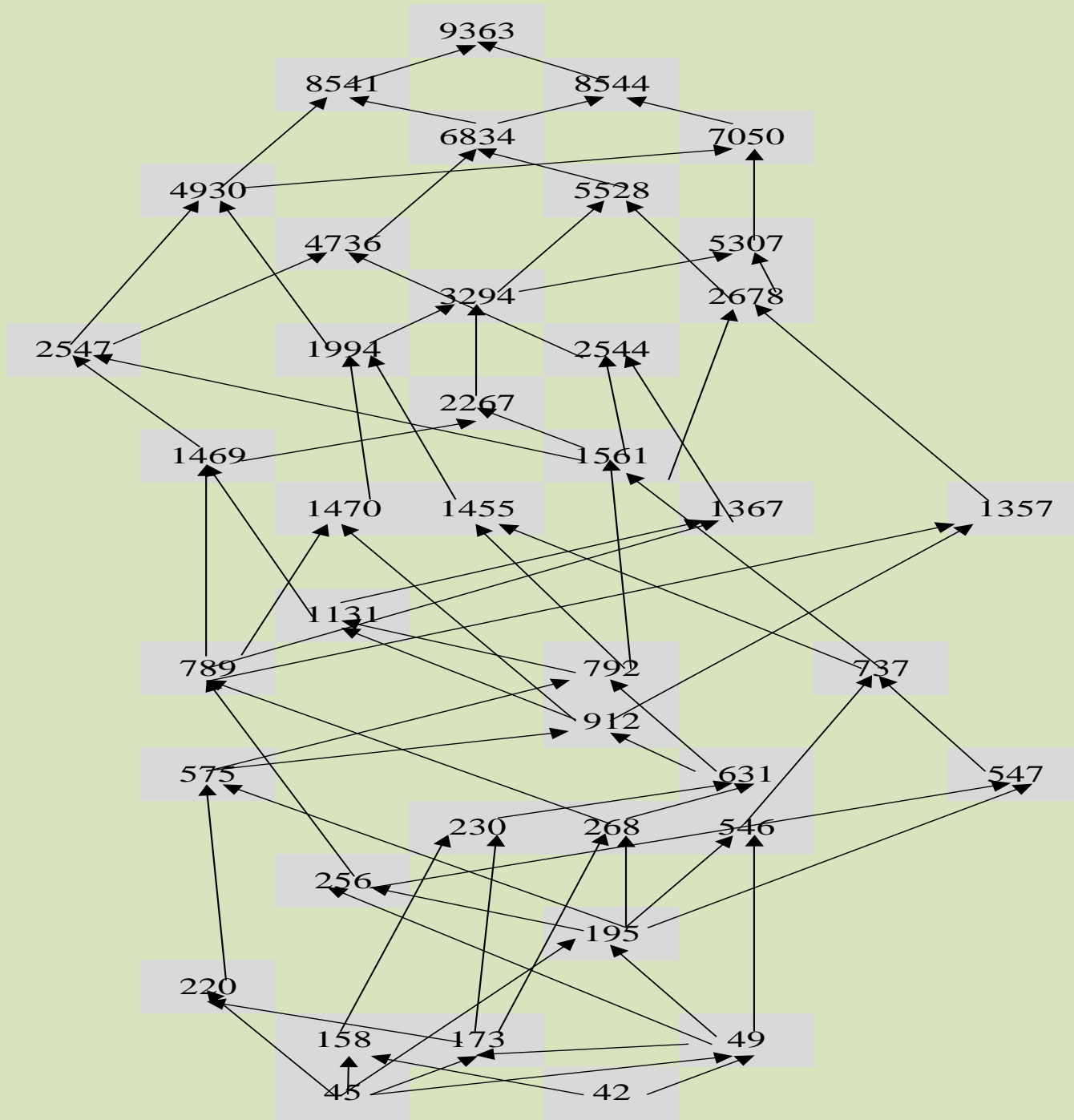


Kaczośka 12

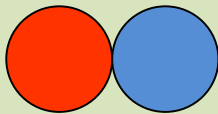
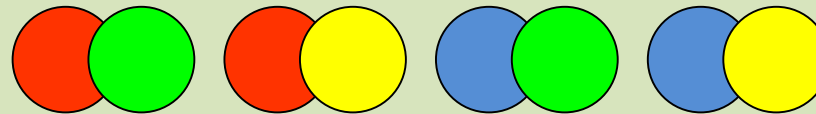
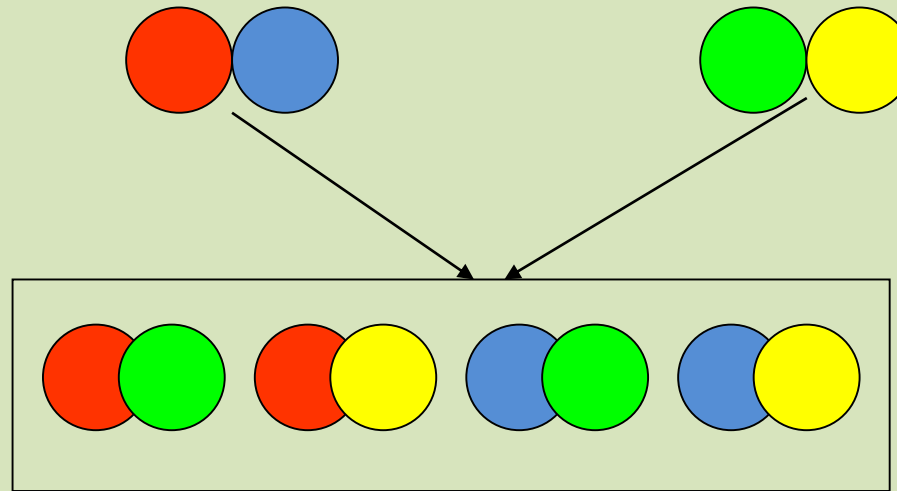




				2547	1561	PLATON II
			4736	PLAMARUS	1469	PLAMA
			PLEWNIK	2544	1561	PLATON II
		6834		PLOTKARA	1367	PLOTKA
		PLUD		3294	2267	PLAMBOR
			5528	PLESO	1994	PLACENTA
			PLUDKA	2678	1561	PLATON II
				PLAŻA	1357	PLATYNA II
	8940			2547	1561	PLATON II
	PLAWIANT		4736	PLAMARUS	1469	PLAMA
			PLEWNIK	2544	1561	PLATON II
		6055		PLOTKARA	1367	PLOTKA
		PLAWNA		1470	789	PLAMIEC
			3291	PLUTON	912	KAMIONKA
			PLEŚNA	2399	1561	PLATON II
				PLOMBA	1367	PLOTKA
10180				3294	2267	PLAMBOR
POTOMKA			5307	PLESO	1994	PLACENTA
			PLANUS	2678	1561	PLATON II
		8056		PLAŻA	1357	PLATYNA II
		PLARON		5307	3294	PLESO
			7050	PLANUS	2678	PLAŻA
			PLATORA	4930	2547	PLAMARUS
				PLOTA	1994	PLACENTA
	9365			4736	2547	PLAMARUS
	PORCJA II		6832	PLEWNIK	2544	PLOTKARA
			POWAŻNIK	5308	3294	PLESO
		8308		POWAGA II	3057	PLINTA
		PONTKA		4736	2547	PLAMARUS
			6827	PLEWNIK	2544	PLOTKARA
			PONITA	5807	3294	PLESO
				PONURA II	4276	PODPINKA



# Podobieństwo między rodzicem a potomkiem



$\frac{1}{2}$

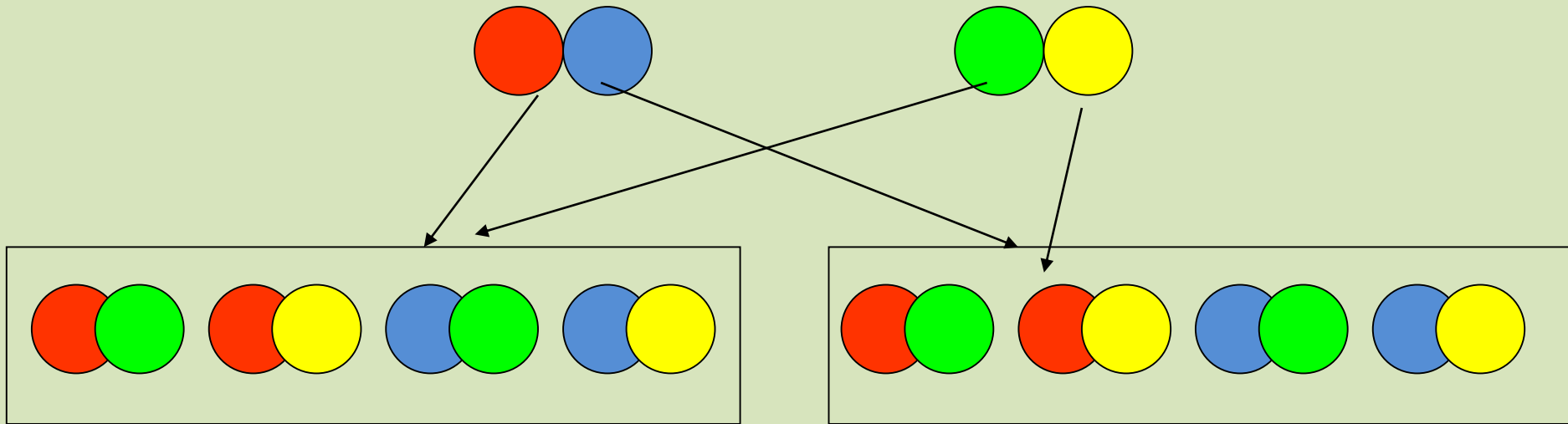
$\frac{1}{2}$

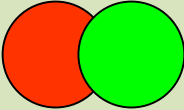
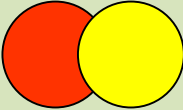
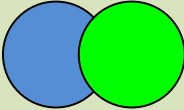
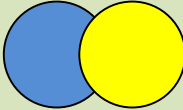
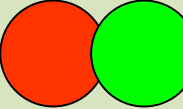
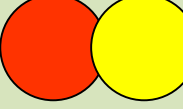
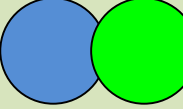
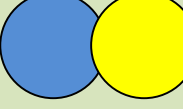
$\frac{1}{2}$

$\frac{1}{2}$

$$R_{RP} = \frac{1}{2}$$

# Podobieństwo pełnego rodzeństwa (FS *full sibs*)

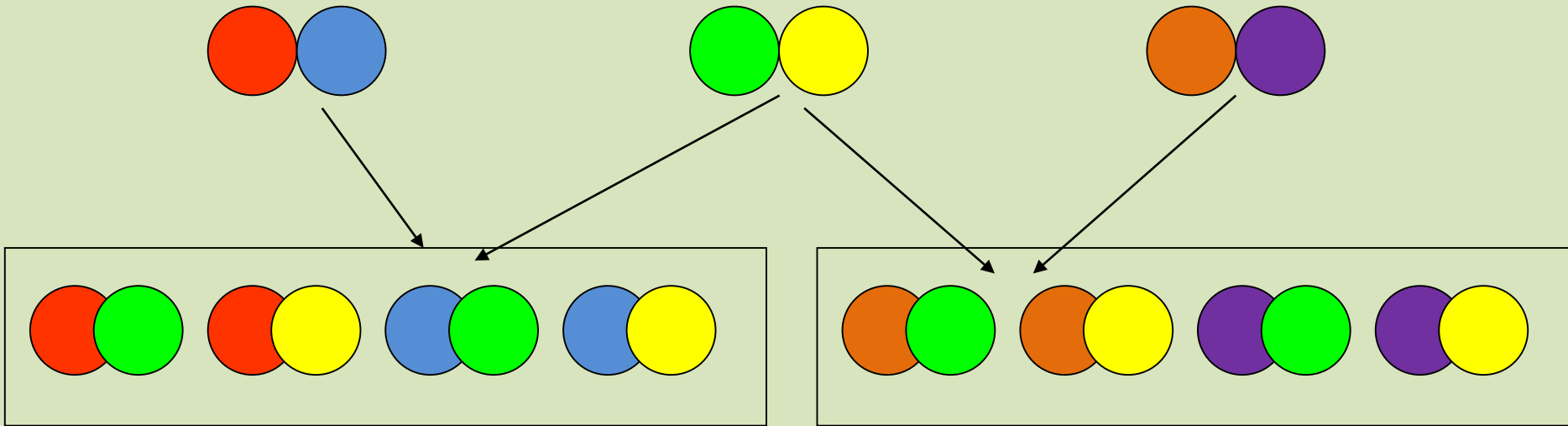


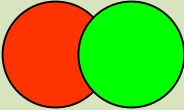
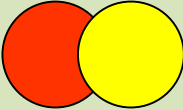
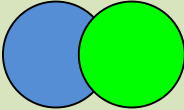
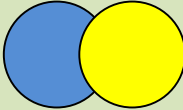
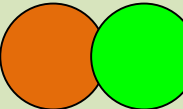
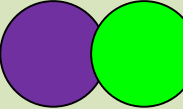
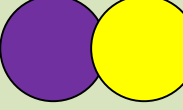
				
	<b>1</b>	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	<b>0</b>
	$\frac{1}{2}$	<b>1</b>	<b>0</b>	$\frac{1}{2}$
	$\frac{1}{2}$	<b>0</b>	<b>1</b>	$\frac{1}{2}$
	<b>0</b>	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	<b>1</b>

$$R_{FS} = \frac{1}{2}$$



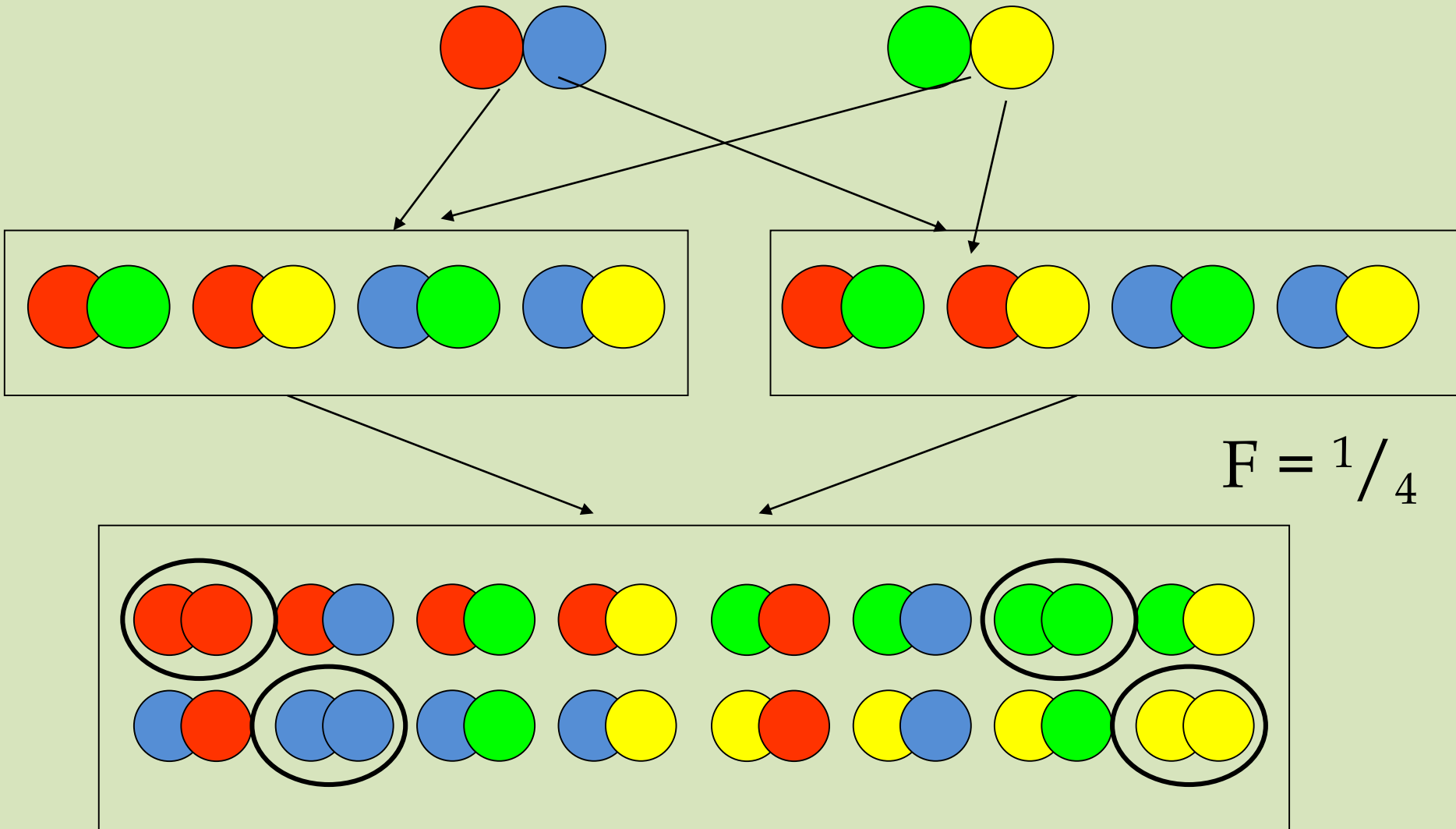
# Podobieństwo pół rodzeństwa (HS half sibs)



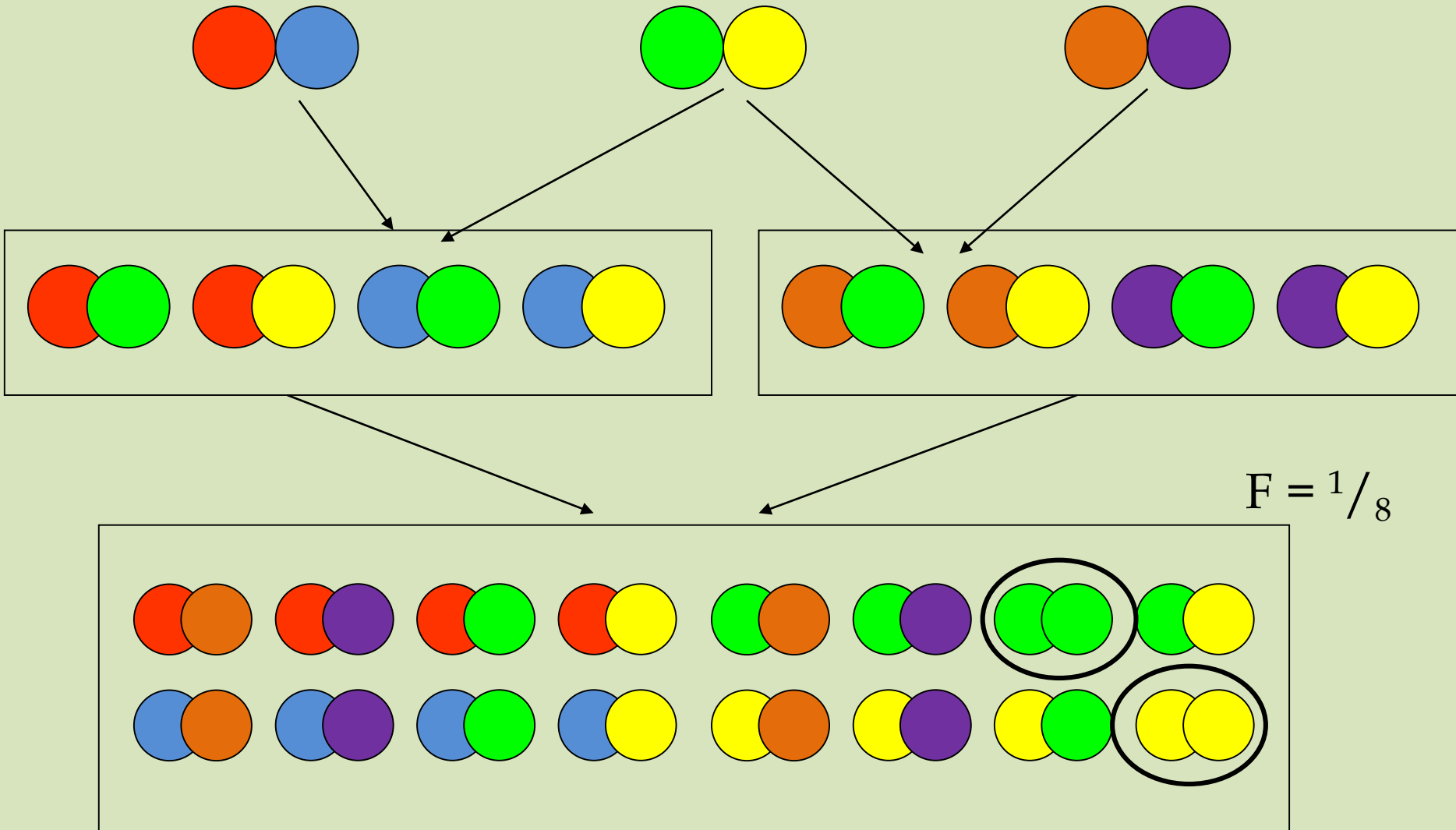
				
	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{2}$	0
	0	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{2}$
	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{2}$	0
	0	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{2}$

$$R_{HS} = \frac{1}{4}$$

# Co to jest inbred – kojarzenie FS



# Co to jest inbred – kojarzenie HS



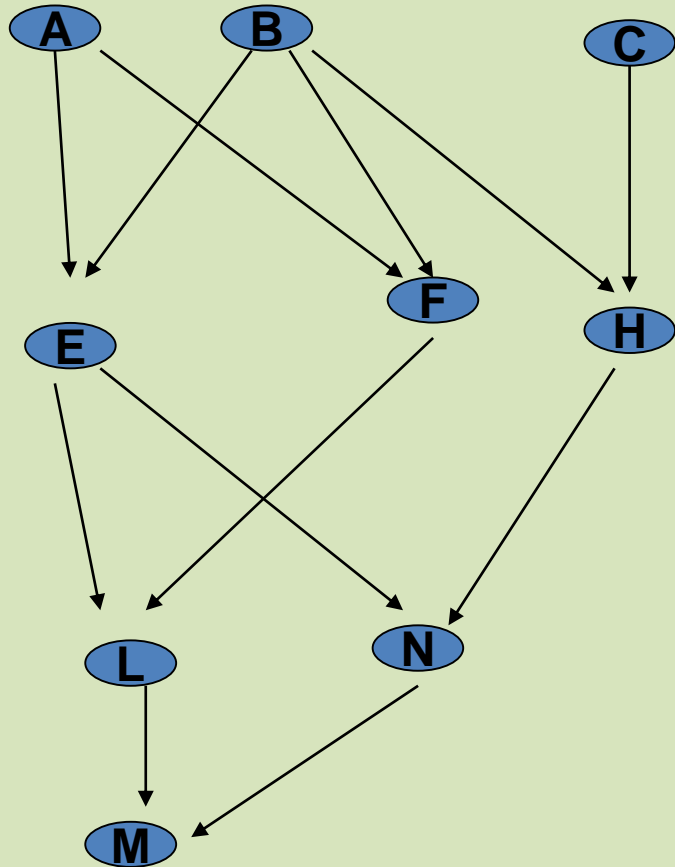
# Inbred

Miara wynikająca ze spokrewnienia (podobieństwa) gamet tworzących zygotę.

Inbred to prawdopodobieństwo, że obydwie gamety na tym samym *locus* mają identyczne allele. Identyczne czyli stanowiące kopię allelu wspólnego przodka.

Biorąc pod uwagę wiele *loci* – liczba informująca o homozygotyczności o wartości od 0 do 1

# Rodowód strzałkowy





# Współczynnik inbrodu

$$F_X = \sum \left( \left( \frac{1}{2} \right)^{n_1 + n_2 + 1} (1 + F_A) \right)$$

# Współczynnik spokrewnienia

$$R_{XY} = \frac{\sum \left(\frac{1}{2}\right)^{n_i+n_j} (1 + F_A)}{\sqrt{(1 + F_X) \cdot (1 + F_Y)}}$$

Gdzie:

$F_A$  - współczynnik inbrodu wspólnego przodka

$F_X$  ( $F_Y$ ) - współczynnik inbrodu osobnika X (Y)

$n_i$  ( $n_j$ ) - liczba ścieżek między osobnikiem X (Y) a wspólnym przodkiem

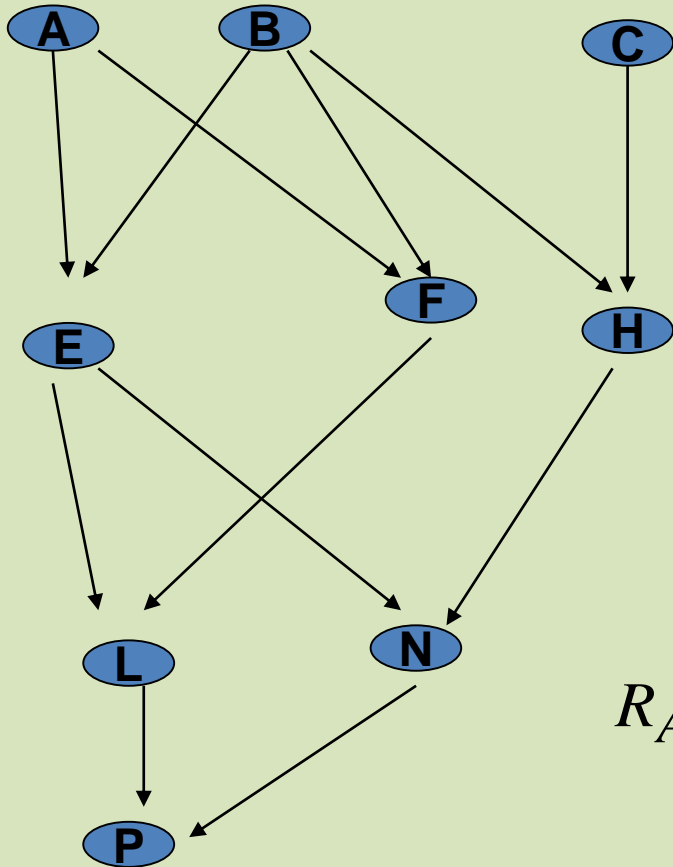
# Relacja między współczynnikami inbredu i spokrewnienia

$$F_X = \sum \left( \left( \frac{1}{2} \right)^{n_1 + n_2 + 1} (1 + F_A) \right)$$

Współczynnik inbredu jest połową spokrewnienia rodziców jeśli nie są oni zinbredowani

$$R_{XY} = \frac{\sum \left( \frac{1}{2} \right)^{n_i + n_j} (1 + F_A)}{\sqrt{(1 + F_X) \cdot (1 + F_Y)}}$$

# Rodowód strzałkowy



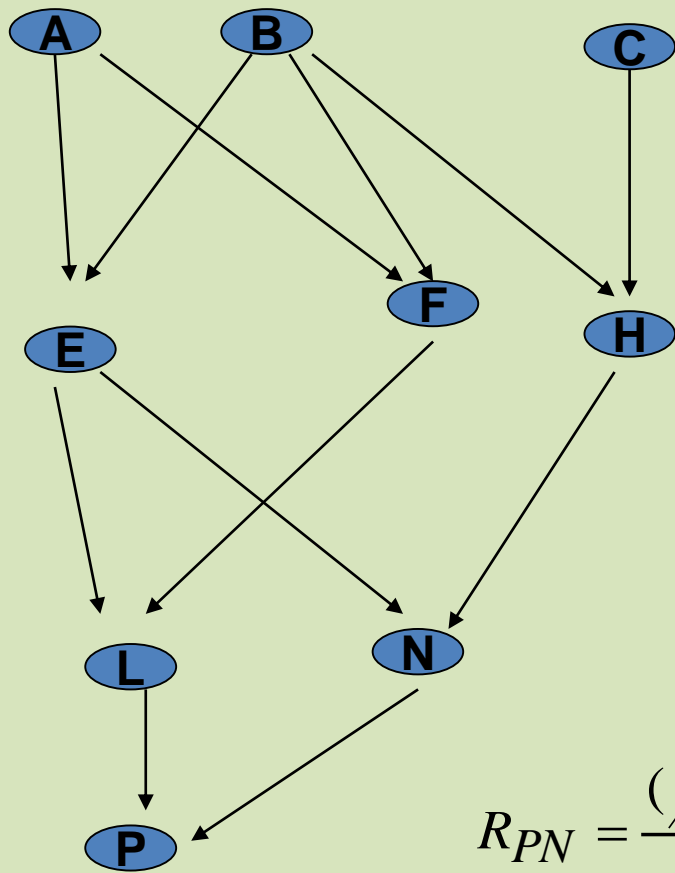
$$R_{AB} = 0$$

$$R_{AE} = 1/2$$

$$R_{CN} = 1/4$$

$$R_{AL} = \frac{(1/2)^2 + (1/2)^2}{\sqrt{(1+0) \cdot (1+0,25)}} = \frac{0,5}{\sqrt{1,25}} = 0,447$$

# Rodowód strzałkowy



Ścieżki

P **N**

P L **E** N

P L E **B** H N

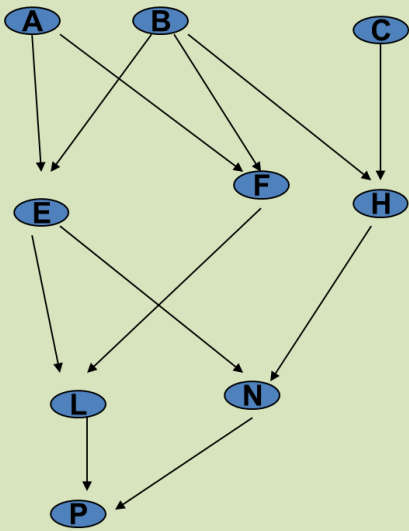
P L F **B** H N

P L F **B** E N

P L F **A** E N

$$\begin{aligned}
 R_{PN} &= \frac{(\frac{1}{2}) \cdot (1 + 0,125) + (\frac{1}{2})^3 + 4 \cdot (\frac{1}{2})^5}{\sqrt{(1 + 0,25) \cdot (1 + 0,125)}} = \\
 &= \frac{0,5 \cdot 1,125 + 0,125 + 0,125}{\sqrt{1,25 \cdot 1,125}} = \frac{0,8125}{1,1859} = 0,685
 \end{aligned}$$

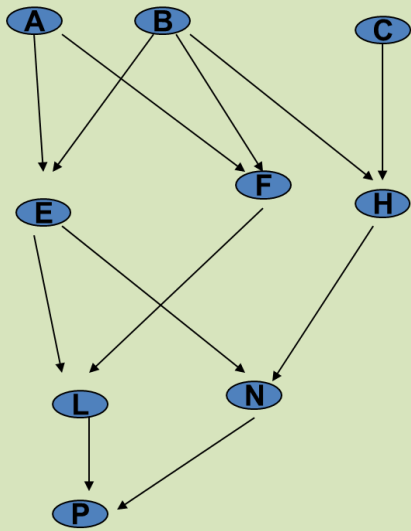




Jeden plus połowa wartości na skrzyżowaniu H oraz E

Połowa wartości w kolumnach A oraz B

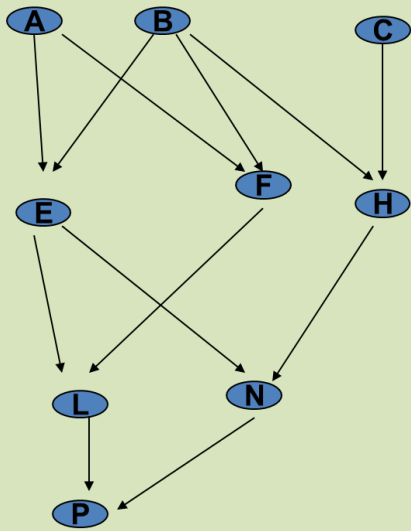
				A B	A B	B C	E F	E H	L N
	A	B	C	E	F	H	L	N	P
A	1	0	0	0,5	0,5	0	0,5	0,25	0,375
B	0	1	0	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5
C	0	0	1	0	0	0,5	0	0,25	0,125
E	0,5	0,5	0	1	0,5	0,25	0,75	0,625	0,6875
F	0,5	0,5	0	0,5	1	0,25	0,75	0,375	0,5625
H	0	0,5	0,5	0,25	0,25	1	0,25	0,625	0,4375
L	0,5	0,5	0	0,75	0,75	0,25	1,25	0,5	0,875
N	0,25	0,5	0,25	0,625	0,375	0,625	0,5	1,125	0,8125
P	0,375	0,5	0,125	0,6875	0,5625	0,4375	0,875	0,8125	1,25



Średnie spokrewnienie osobników w stadzie

$$\bar{R} = 0,3651$$

	A	B	C	F	H	L	M	N	P
A		0	0	0,5	0,5	0	0,447	0,236	0,335
B	0		0	0,5	0,5	0,5	0,447	0,471	0,447
C	0	0		0	0	0,5	0	0,236	0,112
F	0,5	0,5	0		0,5	0,25	0,671	0,589	0,615
H	0,5	0,5	0	0,5		0,25	0,671	0,354	0,503
L	0	0,5	0,5	0,25	0,25		0,224	0,589	0,391
M	0,447	0,447	0	0,671	0,671	0,224		0,422	0,700
N	0,236	0,471	0,236	0,589	0,354	0,589	0,422		0,685
P	0,335	0,447	0,112	0,615	0,503	0,391	0,700	0,685	



## Współczynnik Kinship

	A	B	C	E	F	H	L	N	P	m.kinship
A	0,5	0	0	0,25	0,25	0	0,25	0,125	0,1875	0,1736
B	0	0,5	0	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,2222
C	0	0	0,5	0	0	0,25	0	0,125	0,0625	0,1042
E	0,25	0,25	0	0,5	0,25	0,125	0,375	0,3125	0,34375	0,2674
F	0,25	0,25	0	0,25	0,5	0,125	0,375	0,1875	0,28125	0,2465
H	0	0,25	0,25	0,125	0,125	0,5	0,125	0,3125	0,21875	0,2118
L	0,25	0,25	0	0,375	0,375	0,125	0,625	0,25	0,4375	0,2986
N	0,125	0,25	0,125	0,3125	0,1875	0,3125	0,25	0,5625	0,40625	0,2813
P	0,1875	0,25	0,0625	0,34375	0,28125	0,21875	0,4375	0,40625	0,625	0,3125

			inbred	kinship	hodowla
8567	POLWITA	F	0,377	0,350	Białowieża
8568	PONTYJKA	F	0,383	0,353	
8944	POKRYWKA	F	0,399	0,352	
8945	POKUTNA	F	0,377	0,350	
8946	PODPAŁKA	F	0,346	0,326	
8951	POCHODNA	F	0,330	0,336	
9169	POLSPAN	M	0,334	0,331	
9172	PODLASIANKA II	F	0,372	0,322	
9173	POWOJNA	F	0,367	0,341	
9720	PODPAŁA	F	0,356	0,343	
10163	PORWANKA	F	0,385	0,341	
10357	PODJESIONEK	M	0,360	0,334	
10358	POMPIER	M	0,453	0,337	
			<b>0,372</b>	<b>0,340</b>	
9943	PORODNA	F	0,360	0,334	Hardehausen
9945	POLIANNA II	F	0,506	0,327	
			<b>0,433</b>	<b>0,331</b>	
9332	CLIMAT	M	0,353	0,336	Margeride
9334	CLAQUE	F	0,352	0,343	
			<b>0,353</b>	<b>0,339</b>	
8540	PLISTA	F	0,586	0,441	Pszczyna
8544	PLATURA	F	0,589	0,447	
8714	PODPINKA	F	0,516	0,433	
8719	PLUGONKA	F	0,596	0,440	
8940	PLAWIANT	M	0,607	0,442	
9143	PLASTYKA	F	0,607	0,441	
9148	POTAWA	F	0,623	0,438	
9365	PORCJA II	F	0,560	0,441	
9367	POLUCJA	F	0,588	0,442	
9368	PLISZAJ	M	0,617	0,444	
9761	PONTIA	F	0,560	0,441	
9762	PLEO	M	0,660	0,447	
9766	PORUSZA	F	0,590	0,440	
9994	PLADORA	F	0,633	0,444	
9995	PODRYW II	M	0,595	0,444	
9997	PLAWAN	M	0,652	0,447	
9999	PLUGO	M	0,600	0,443	
10177	PLATYNKA	F	0,652	0,447	
10179	PLAMISTA	F	0,691	0,442	
10180	POTOMKA	F	0,583	0,442	
10392	PLASTYK	M	0,631	0,442	
			<b>0,607</b>	<b>0,442</b>	

# Współczynnik inbredu

prawdopodobieństwo  
homozygotyczności w konsekwencji  
kojarzeń w pokrewieństwie

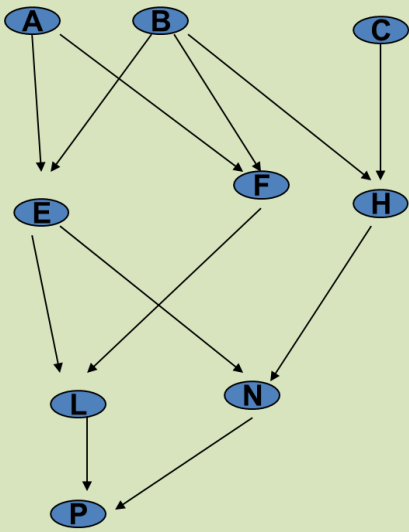
# Współczynnik kinship

(wspólnego pochodzenia) dotyczy dwóch  
osobników i oznacza inbred hipotetycznego  
potomka

# Mean Kinship

Średnia wsp. kinship osobnika ze wszystkimi  
innymi w populacji

Mierzy podobieństwo osobnika do całej  
populacji



# Udział założycieli

Proporcja genów założycieli w genotypie osobnika

	A	B	C
A	1		
B		1	
C			1
E	0,5	0,5	
F	0,5	0,5	
H		0,5	0,5
L	0,5	0,5	
N	0,25	0,5	0,25
P	0,375	0,5	0,125



		15	16	42	45	87	89	147
8567	POLWITA	4,5	9,0	26,2	48,7	3,6	3,6	4,5
8568	PONTYJKA	3,9	7,8	27,5	49,1	3,9	3,9	3,9
8944	POKRYWKA	4,0	8,0	27,5	48,3	4,1	4,1	4,0
8945	POKUTNA	4,5	9,0	26,2	48,7	3,6	3,6	4,5
8946	PODPAŁKA	5,0	10,0	27,3	43,9	4,5	4,5	5,0
8951	POCHODNA	4,7	9,4	26,0	48,1	3,6	3,6	4,7
9169	POLSPAN	4,9	9,8	27,1	44,4	4,5	4,5	4,9
9172	PODLASIANKA II	5,3	10,6	27,4	41,8	4,9	4,9	5,3
9173	POWOJNA	4,6	9,2	27,3	45,7	4,3	4,3	4,6
9720	PODPAŁA	4,5	8,9	27,3	46,8	4,1	4,1	4,5
10163	PORWANKA	4,8	9,6	26,8	45,8	4,2	4,2	4,8
10357	PODJESIONEK	4,9	9,8	26,7	45,5	4,2	4,2	4,9
10358	POMPIER	4,9	9,7	27,4	44,3	4,5	4,5	4,9
9943	PORODNA	4,9	9,8	26,7	45,5	4,2	4,2	4,9
9945	POLIANNA II	5,2	10,4	27,4	42,3	4,8	4,8	5,2
9332	CLIMAT	4,5	9,0	27,3	46,5	4,1	4,1	4,5
9334	CLAQUE	3,6	7,2	27,9	49,5	4,1	4,1	3,6
8540	PLISTA	0	0	30,5	69,5	0	0	0
8544	PLATURA	0	0	30,5	69,5	0	0	0
8714	PODPINKA	0,4	0,8	30,5	67,2	0,4	0,4	0,4
8719	PLUGONKA	0	0	30,5	69,5	0	0	0
8940	PLAWIANT	0	0	30,6	69,5	0	0	0
9143	PLASTYKA	0	0	30,6	69,5	0	0	0
9148	POTAWA	0,2	0,4	30,5	68,4	0,2	0,2	0,2
9365	PORCJA II	0,2	0,4	30,5	68,4	0,2	0,2	0,2
9367	POLUCJA	0,1	0,2	30,5	69,0	0,1	0,1	0,1
9368	PLISZAJ	0	0	30,5	69,5	0	0	0
9761	PONTIA	0,2	0,4	30,5	68,4	0,2	0,2	0,2
9762	PLEO	0	0	30,5	69,5	0	0	0
9766	PORUSZA	0,2	0,4	30,5	68,4	0,2	0,2	0,2
9994	PLADORA	0	0	30,5	69,5	0	0	0
9995	PODRYW II	0,1	0,2	30,5	69,0	0,1	0,1	0,1
9997	PLAWAN	0	0	30,5	69,5	0	0	0
9999	PLUGO	0	0	30,5	69,5	0	0	0
10177	PLATYNKA	0	0	30,5	69,5	0	0	0
10179	PLAMISTA	0	0	30,6	69,5	0	0	0
10180	POTOMKA	0,1	0,2	30,5	68,9	0,1	0,1	0,1
10392	PLASTYK	0	0	30,5	69,5	0	0	0

# Udział założycieli

		unikalność	
8567	POLWITA	0	Białowieża
8568	PONTYJKA	0	
8944	POKRYWKA	0	
8945	POKUTNA	0	
8946	PODPAŁKA	0,0002	
8951	POCHODNA	0,0005	
9169	POLSPAN	0,0002	
9172	PODLASIANKA II	0,0003	
9173	POWOJNA	0	
9720	PODPAŁA	0	
10163	PORWANKA	0	
10357	PODJESIONEK	0	
10358	POMPIER	0	
9943	PORODNA	0	Hardehausen
9945	POLIANNA II	0,0001	
9332	CLIMAT	0,0008	Margeride
9334	CLAQUE	0,002	
8540	PLISTA	0	Pszczyna
8544	PLATURA	0	
8714	PODPINKA	0	
8719	PLUGONKA	0	
8940	PLAWIANT	0	
9143	PLASTYKA	0	
9148	POTAWA	0	
9365	PORCJA II	0	
9367	POLUCJA	0	
9368	PLISZAJ	0	
9761	PONTIA	0	
9762	PLEO	0	
9766	PORUSZA	0	
9994	PLADORA	0	
9995	PODRYW II	0	
9997	PLAWAN	0	
9999	PLUGO	0	
10177	PLATYNKA	0	
10179	PLAMISTA	0	
10180	POTOMKA	0	
10392	PLASTYK	0	

# Unikalność

Prawdopodobieństwo posiadania unikalnych dla populacji genów

524 BESTE

770 POPIELICA

1136 POCHMURNA

1862 POWOLNA

2851 POPULARNA

3963 PONTAWA

6127 POCZESNA

**7384 PODLEGLA**

**8568 PONTYJKA**

**PORTUGALKA**

**10360 PODESTA**

**POLIGRAF**

3039 POMPEJA

5802 POSOCZNA

**7751 PODRÓZNIK**

89 BILMA

161 BISCAYA

520 POLANA

736 PODWIKA

939 POLANKA

2112 POLARNA

3751 POMONA

5349 POMARA

8316 POLIGRAFIA

**8946 PODPAŁKA**

**9720 PODPAŁA**

**10363 POINTA**

**POCZTYLION**

**9172 PODLASIANKA II**

**10362 POLIPTYK**

5855 POLOPIRYNA

**7843 PODDANA**

**8944 POKRYWKA**

**10367 POLIKSEN**

**10165 PORTON**

**POLIGLOTA**

**8319 POMOLOGIA**

**10366 POMAK**

4954 POLONIKA

81

**6125 PODNIEBNA**

**7386 POSTAWA**

**10364 POMORT**

**POLEMISTA**

42 PLANTA

49 PLAKETTE

268 PL

631 PLARKA

912 KAMIONKA

1131 KANIA

3042 POMARAŃCZA

6128 POLICZNA

**7381 POSTURA**

**8567 POLWITA**

**10163 PORWANKA**

**POSESJA**

**8945 POKUTNA**

**10166 POWIKA**

**10368 PODLEŚ**

**POLITRUK**

Linie mateczne  
od założycielek

Inbred

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

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

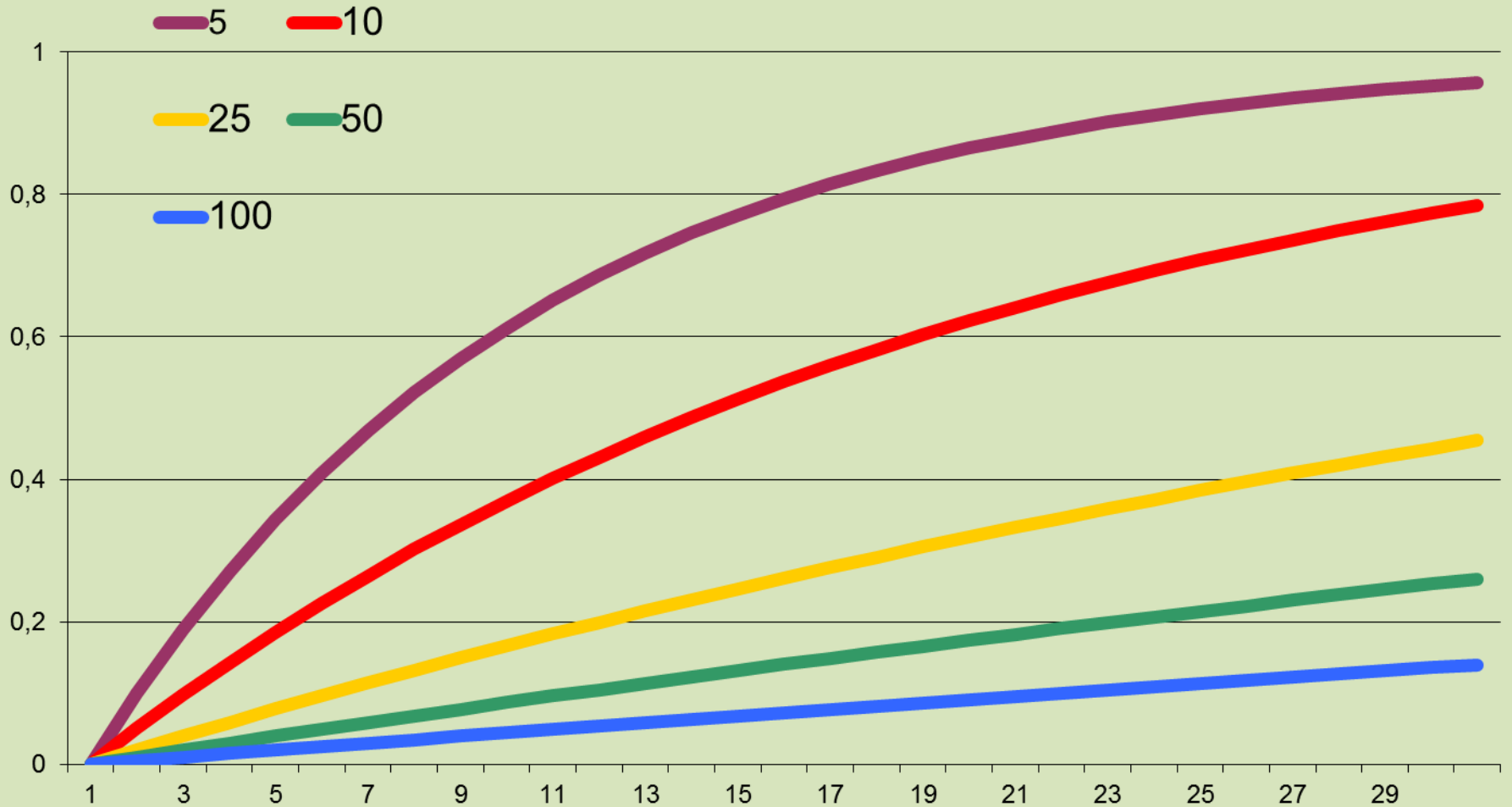
- wielkość inbredu w pokoleniu  $t$  w populacji

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

- o jednakowej efektywnej wielkości

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

# Poziom inbredu w pokoleniach zależnie od Ne



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

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

pokolenie

samozapłodnienie

kojarzenia FS

pokolenie	selfing	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

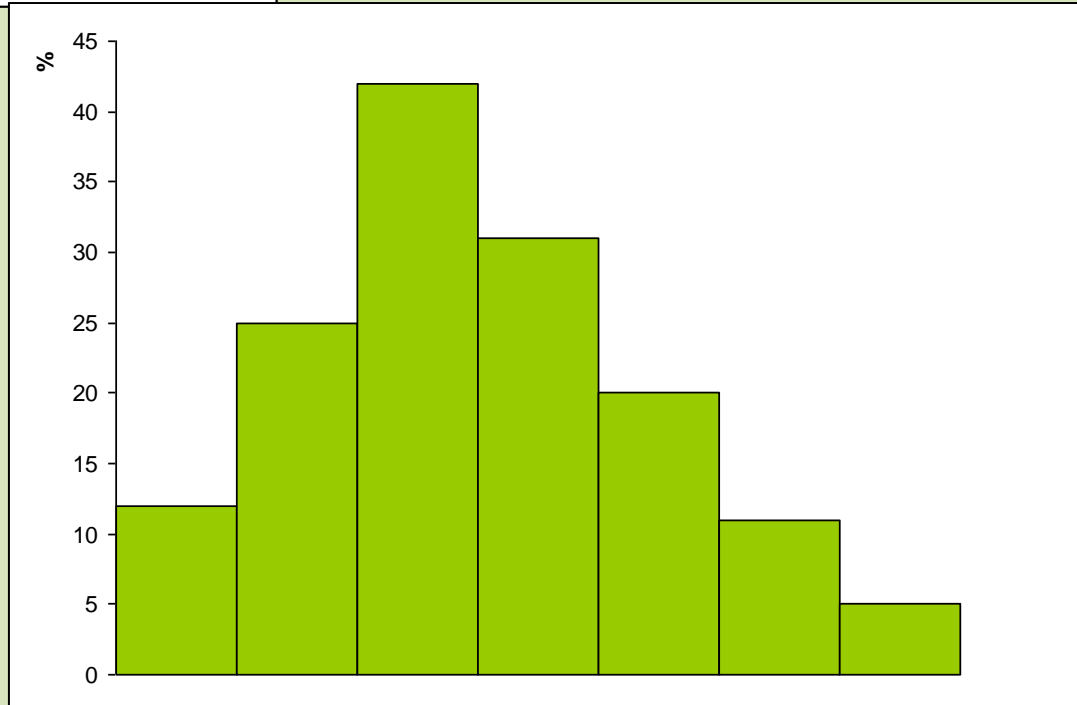
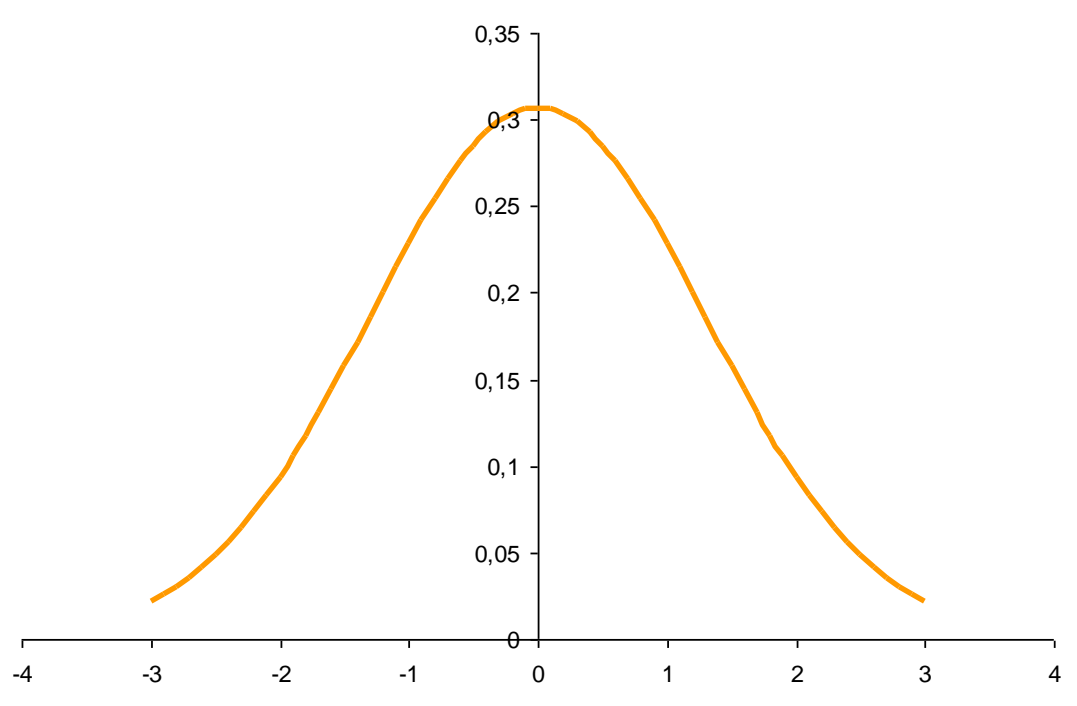
Wartość hodowlana



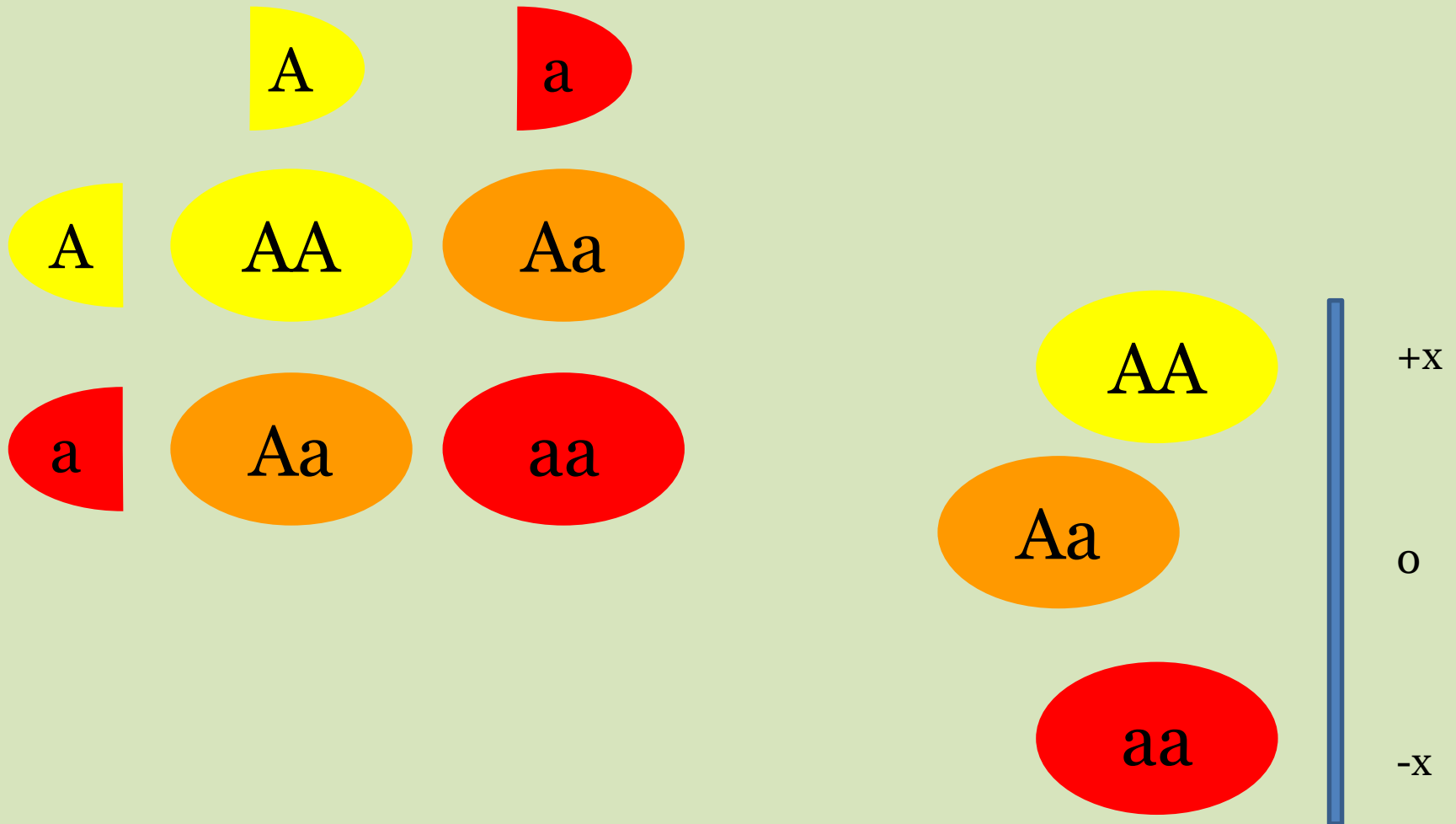
# Cechy ilościowe

Opisywane rozkładem zmiennej losowej ciągłej - rozkład normalny

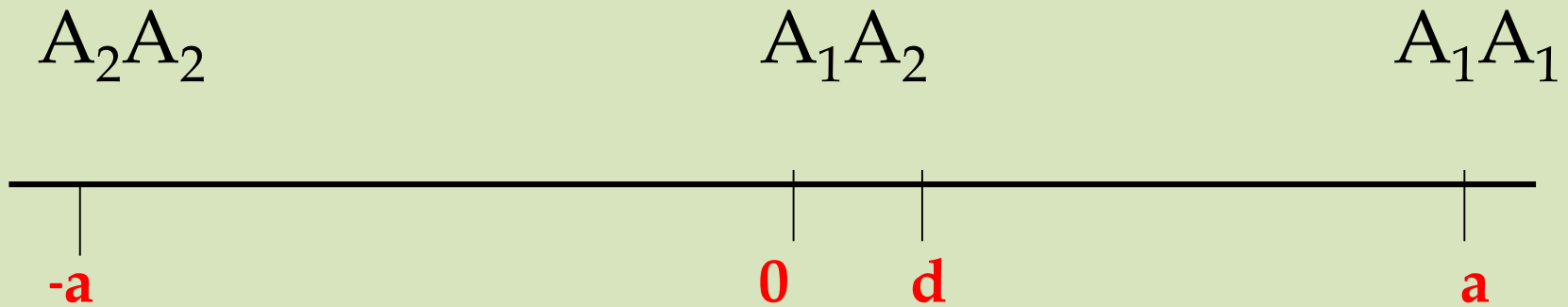
Opisywane przy pomocy parametrów:  
średnia, wariancja, odchylenie standardowe



# Model 1 *locus*



# Model jedného *locus*



$$P(A_1)=p; P(A_2)=q; p+q=1$$

# Średnia wartość populacji

genotyp	wartość	częstość
$A_1A_1$	$a$	$p^2$
$A_1A_2$	$d$	$2pq$
$A_2A_2$	$-a$	$q^2$

$$\begin{aligned}\bar{G} &= p^2 \cdot a + 2pq \cdot d + q^2(-a) = (p^2 - q^2) \cdot a + 2pqa = \\ &= (p - q)(p + q) \cdot a + 2pqa = a(p - q) + 2dpq\end{aligned}$$

# Średni efekt zastąpienia genu $A_1$

Allel  $A_1$  łączy się losowo z gametą z populacji, powstaje:

$A_1A_1$  z częstością  $p$

$A_1A_2$  z częstością  $q$

Różnica tych potomków względem średniej populacji:

$$\begin{aligned}\alpha_1 &= pa + qd - [a(p - q) + 2pqd] = pa + qd - pa + qa - 2pgd = \\ &= q(a + d) - 2pqd = q(a + d - 2pd) = q[a + d(1 - 2p)] = \\ &= q[a + d(q - p)]\end{aligned}$$

# Średni efekt zastąpienia genu $A_2$

Allel  $A_2$  łączy się losowo z gametą z populacji, powstaje:

$A_1A_2$  z częstością  $p$

$A_2A_2$  z częstością  $q$

Różnica tych potomków względem średniej populacji:

$$\begin{aligned}\alpha_2 &= pd - qa - [a(p - q) + 2pqd] = pd - qa - pa + qa - 2pgd = \\ &= p(d - a) - 2pqd = p(d - a - 2qd) = p[-a + d(1 - 2q)] = \\ &= -p[a - d(p - q)] = -p[a + d(q - p)]\end{aligned}$$

# Wartość hodowlana

Efekt zastąpienia genu:  $\alpha = a + d(q - p)$

dla  $A_1$ :  $\alpha_1 = q\alpha$

dla  $A_2$ :  $\alpha_2 = -p\alpha$

Wartość hodowlana:

$A_1A_1$   $2\alpha_1 = 2q\alpha$

$A_1A_2$   $\alpha_1 + \alpha_2 = (q - p)\alpha$

$A_2A_2$   $2\alpha_2 = -2p\alpha$



# Średnia wartość hodowlana

$$\begin{aligned}\bar{A} &= p^2 \cdot 2q\alpha + 2pq(q - p)\alpha + q^2(-2p\alpha) = \\ &= 2pq\alpha(p - p + q - q) = 0\end{aligned}$$

# Przykład – karłowatość myszy

Genotypy: ++ 14  
+pg 12  
pgpg 6

Dane: p=0,9 q=0,1  
a=4 d=2

$$M = 4(0,9 - 0,1) + 2 \cdot 2 \cdot 0,9 \cdot 0,1 = 3,2 + 0,36 = 3,56$$

$$\alpha = 4 + 2(0,1 - 0,9) = 4 - 1,6 = 2,4$$

$$\alpha_+ = 0,1 \cdot 2,4 = 0,24$$

$$\alpha_{pg} = -0,9 \cdot 2,4 = -2,16$$

# Odchylenie spowodowane dominacją

$$G = A + D$$

Genotyp	G	A	D
$A_1A_1$ $p^2$	$a - \bar{G}$	$2q\alpha$	$-2q^2d$
$A_1A_2$ $2pq$	$d - \bar{G}$	$(q - p)\alpha$	$2pqd$
$A_2A_2$ $q^2$	$-a - \bar{G}$	$-2p\alpha$	$-2p^2d$



# Wartość fenotypowa

$$P = G + E$$

Jeśli  $\bar{E} = 0$  to  $\bar{P} = \bar{G}$

# Cecha ilościowa

Wartość fenotypowa  $P$

$$\begin{aligned} P &= G + E + GE = \\ &= A + D + I + E + GE = \\ &= A + E' \end{aligned}$$

$A, D, I$  - addytywna, dominacyjna, interakcyjna (epistatyczna) część wartości genotypowej

$E$  - efekt środowiska

$(GE)$  - interakcja genotyp środowisko

# Cecha ilościowa

Wariancja fenotypowa

$$\begin{aligned}\sigma_P^2 &= \sigma_G^2 + \sigma_E^2 + \sigma_{GE}^2 = \\ &= \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_E^2 + \sigma_{GE}^2\end{aligned}$$

# Parametry genetyczne

Odziedziczalność

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

Powtarzalność

$$R = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_{Es}^2}{\sigma_P^2}$$



# Podobieństwo fenotypowe krewnych

Korelacja między dwoma krewnymi (o wartościach  $P_1$  i  $P_2$ ) w populacji, w której czynniki środowiskowe działają losowo i nie występuje interakcja genotyp-środowisko

$$\begin{aligned} t &= \frac{\text{cov}(P_1, P_2)}{\sigma_P^2} = \\ &= \frac{\text{cov}(G_1, G_2)}{\sigma_P^2} = \\ &= \frac{\text{cov}(A_1, A_2)}{\sigma_P^2} \end{aligned}$$

# Podobieństwo fenotypowe krewnych

Biorąc pod uwagę półrodzeństwo:

$$P_1 = A_1 + e_1' = \frac{1}{2}A_R + e_1'$$

$$P_2 = A_2 + e_2' = \frac{1}{2}A_R + e_2'$$

$$\text{cov}(G_1, G_2) = E(G_1, G_2) =$$

$$E\left(\frac{1}{2}A_R + e_1; \frac{1}{2}A_R + e_2\right) =$$

$$\frac{1}{4}E(A_R^2) = 0,25 \cdot \sigma_A^2$$

# Podobieństwo fenotypowe krewnych

Potomek - rodzic

$$\text{cov}(R, P) = 0,5 \cdot \sigma_A^2$$
$$b_{RP} = \frac{0,5\sigma_A^2}{\sigma_P^2}$$

Półrodzeństwo

$$\text{cov}(HS) = 0,25 \cdot \sigma_G^2$$
$$t_{HS} = \frac{0,25\sigma_A^2}{\sigma_P^2}$$

Pełne rodzeństwo

$$\text{cov}(FS) = 0,5 \cdot \sigma_A^2 + 0,5 \cdot \sigma_D^2$$
$$t_{FS} = \frac{0,5\sigma_A^2 + 0,5\sigma_D^2}{\sigma_P^2}$$

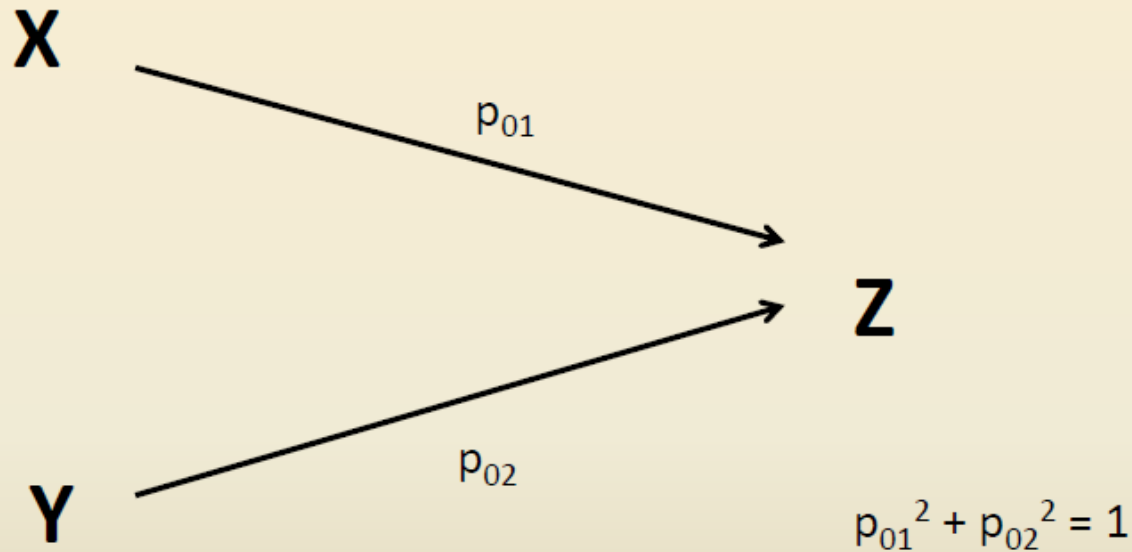
**Przykłady odziedziczalności, wartości średnich, odchyłeń standardowych i powtarzalności dla wybranych cech i gatunków zwierząt.**

Cecha (odstęp pokoleń w latach)	$h^2$	$\mu$	$\sigma_p$	$r$
Bydło mięsne (4 – 6)				
okres międzywycieleniowy	0,05	380 dni	20 dni	
masa przy urodzeniu	0,40	36kg	4,53kg	
masa przy odstawieniu	0,30	215kg	22,65kg	0,40
masa w wieku jednego roku	0,40	430kg	27,18kg	
masa w wieku dojrzałości	0,65	498kg	38,5kg	
wykorzystanie paszy (pasza/przyr.)	0,40	7kg/kg	0,5kg/kg	
obwód worka mosznowego	0,50	34,5cm	2cm	
grubość słoniny	0,40	1cm	0,254cm	
Bydło mleczne (4 – 6)				
okres międzywycieleniowy	0,10	404dni	75dni	0,15
wydajność mleka	0,25	5889kg	253,68kg	0,50
zawartość tłuszczu w mleku	0,55	4,4%	0,5%	0,60
zawartość białka w mleku	0,50	3,5%	0,4%	
zawieszenie wymienia	0,20			0,50
ułożenie strzyków	0,30			0,55
ustawienie kończyn tylnych	0,15			0,30
postawa	0,50			0,75
Drób (1 – 1,5)				
produkcja jaj w okresie 500 dni	0,25			
wielkość jaj	0,45			
grubość skorupy	0,45			0,65
wylęgowość	0,10	90%	2,2%	
masa ciała	0,10			

Cecha (odstęp pokoleń w latach)	$h^2$	$\mu$	$\sigma_P$	$r$
Owce (3 – 5)				
liczba jagniąt w miocie	0,15	1,3	0,3	0,15
masa przy urodzeniu	0,30	4,8kg	1,36kg	0,35
masa w wieku 60 dni	0,20	20,4kg	3,62kg	0,25
masa w wieku 20 tygodni	0,30	37,5kg	7,28kg	
masa w wieku jednego roku	0,40	67,95kg	13,59kg	
powierzchnia oka połędwicy	0,45	13,54cm <sup>2</sup>	0,64cm <sup>2</sup>	
masa runa	0,40	3,62kg	0,50kg	0,40
klasa wełny	0,35			0,60
długość włosa	0,50	6,35cm	1,27cm	0,60
grubość tłuszczu w wieku 20 tygodni	0,30		0,715	
Trzoda chlewna (1,5 – 2)				
liczba prosiąt urodzonych	0,15	9,8	2,8	0,15
liczba prosiąt odstawionych	0,10	7,3	2,8	0,10
masa przy odstawieniu	0,10	6,3kg	0,68kg	0,15
masa miotu w 21. dniu	0,15	45,3kg	6,80kg	0,15
dni do osiągnięcia masy 230lb	0,25	175	12	
wykorzystanie paszy	0,35	3,8kg/kg	0,2kg/kg	
powierzchnia oka połędwicy	0,50	27,74cm <sup>2</sup>	1,62cm <sup>2</sup>	
grubość słoniny	0,50	3,3cm	0,38cm	

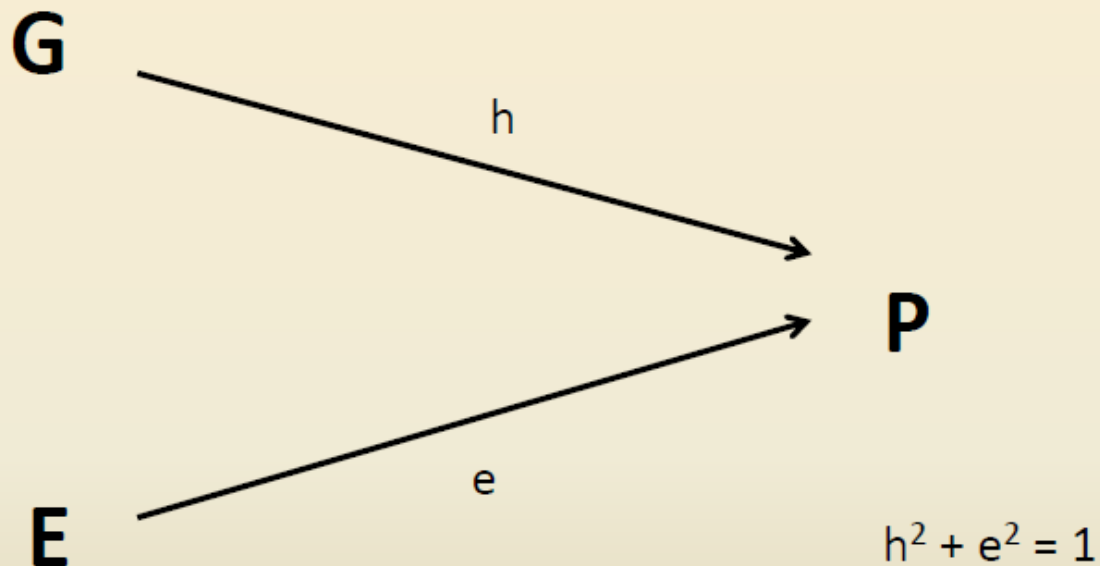
# Teoria ścieżki

- zależność przyczynowo-skutkowa



- współczynniki ścieżek – miary związku między przyczyną a skutkiem

# Teoria ścieżki - zastosowanie



- założenie: G i E są niezależne od siebie

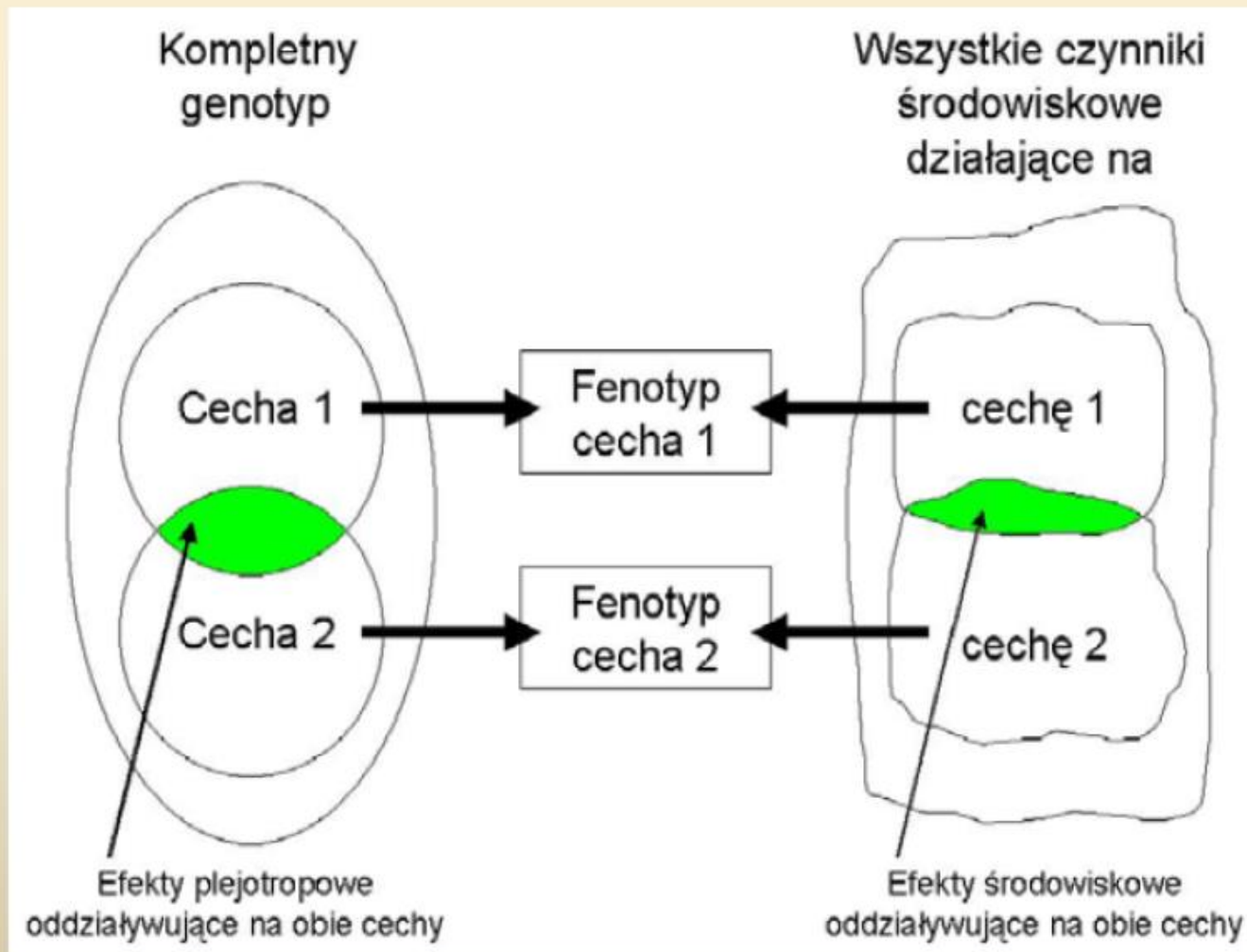
# Związki między cechami

- korelacje fenotypowe
- *korelacje genetyczne*
- korelacje środowiskowe

$$r_P = \frac{\text{cov}_P(X, Y)}{\sigma_{PX} \cdot \sigma_{PY}}, \quad r_G = \frac{\text{cov}_G(X, Y)}{\sigma_{GX} \cdot \sigma_{GY}}, \quad r_E = \frac{\text{cov}_E(X, Y)}{\sigma_{EX} \cdot \sigma_{EY}}$$



# Związki między cechami



# Relacje

- 2 cechy u tego samego osobnika
- ta sama cecha u osobnika i jego krewnych
- jedna cecha – wiele pomiarów u jednego osobnika
- ta sama cecha u różnych krewnych osobnika

# Ocena wartości hodowlanej

$$A - \bar{A} = b \cdot (P - \bar{P})$$

Wiedząc że  $\bar{A} = \bar{P}$

to szacowana wartość addytywna (hodowlana):

$$\hat{A} = b \cdot (P - \bar{P}) + \bar{P}$$

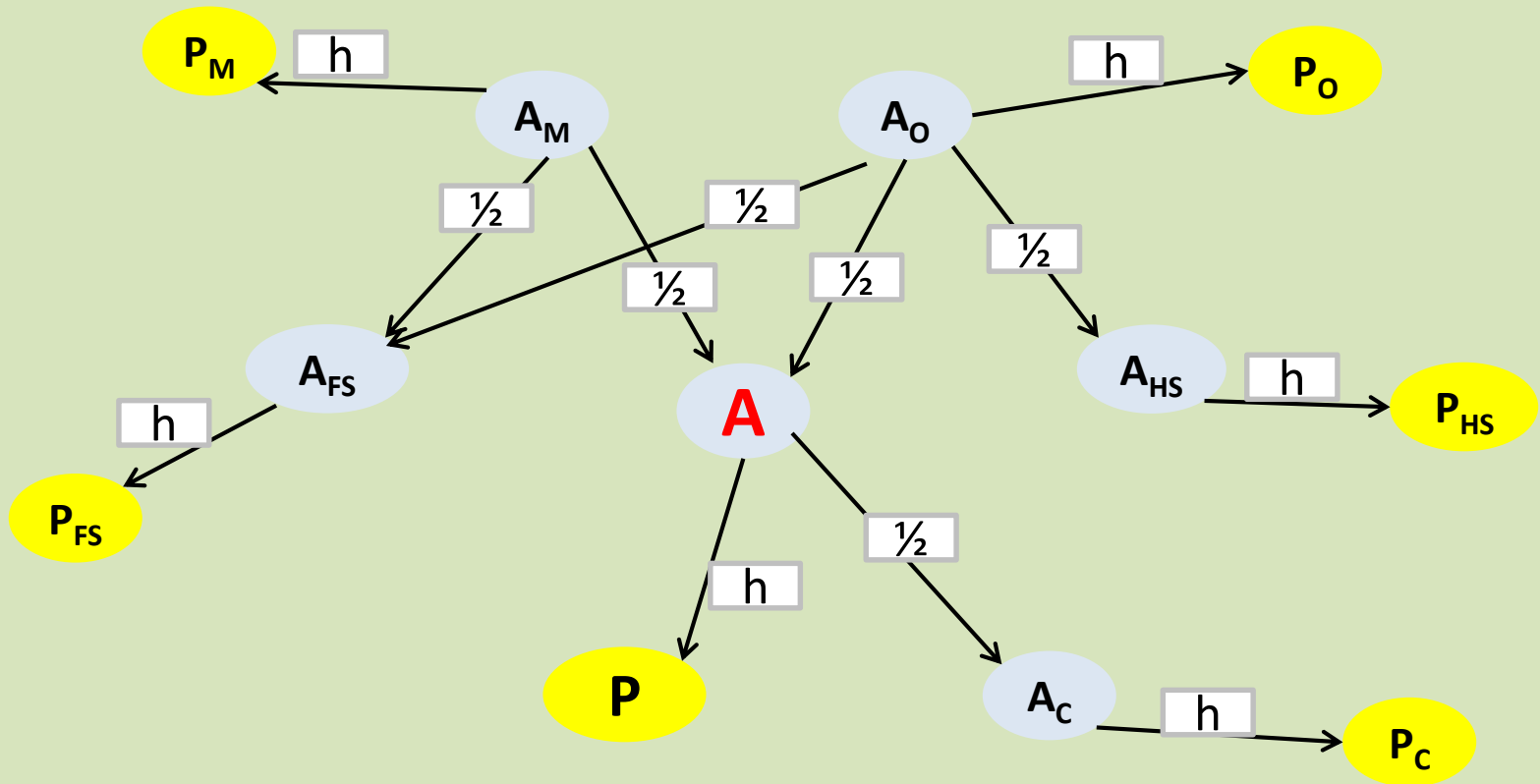
# Ocena wartości hodowlanej

Współczynnik regresji  $b$

$$b = R \cdot \frac{\sigma_A}{\sigma_P} = R \cdot h$$

gdzie  $R$  to współczynnik korelacji między ocenianą wartością hodowlaną a źródłem informacji

# Źródła informacji



$$t_{HS} = 0,25 \cdot h^2$$

# Źródło – własny fenotyp pojedynczy krewny

Własny fenotyp:

$$R = h \qquad b = R \cdot h = h^2$$

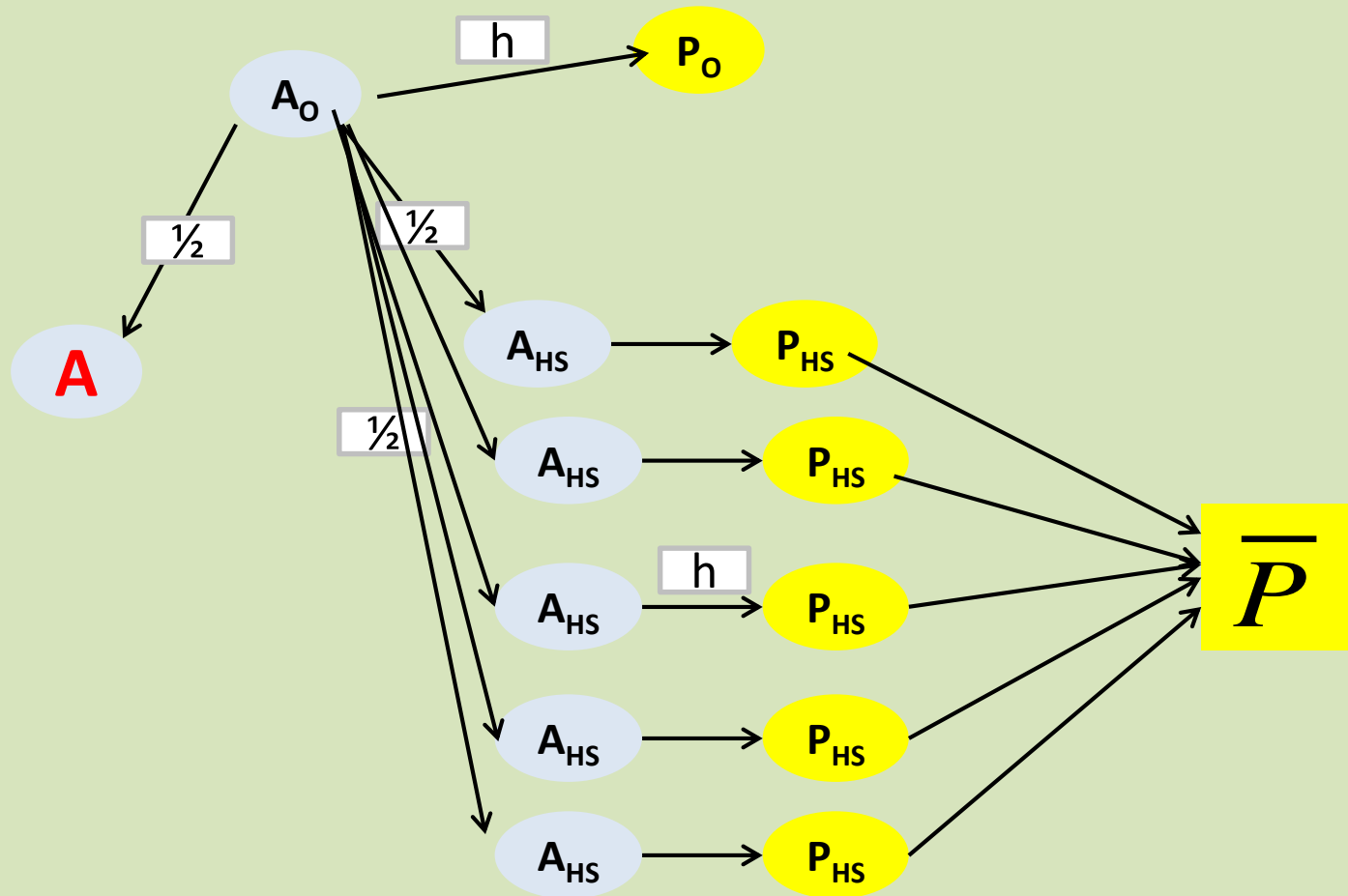
Fenotyp rodzica lub potomka

$$R = 0,5 \cdot h \qquad b = R \cdot h = 0,5 \cdot h^2$$

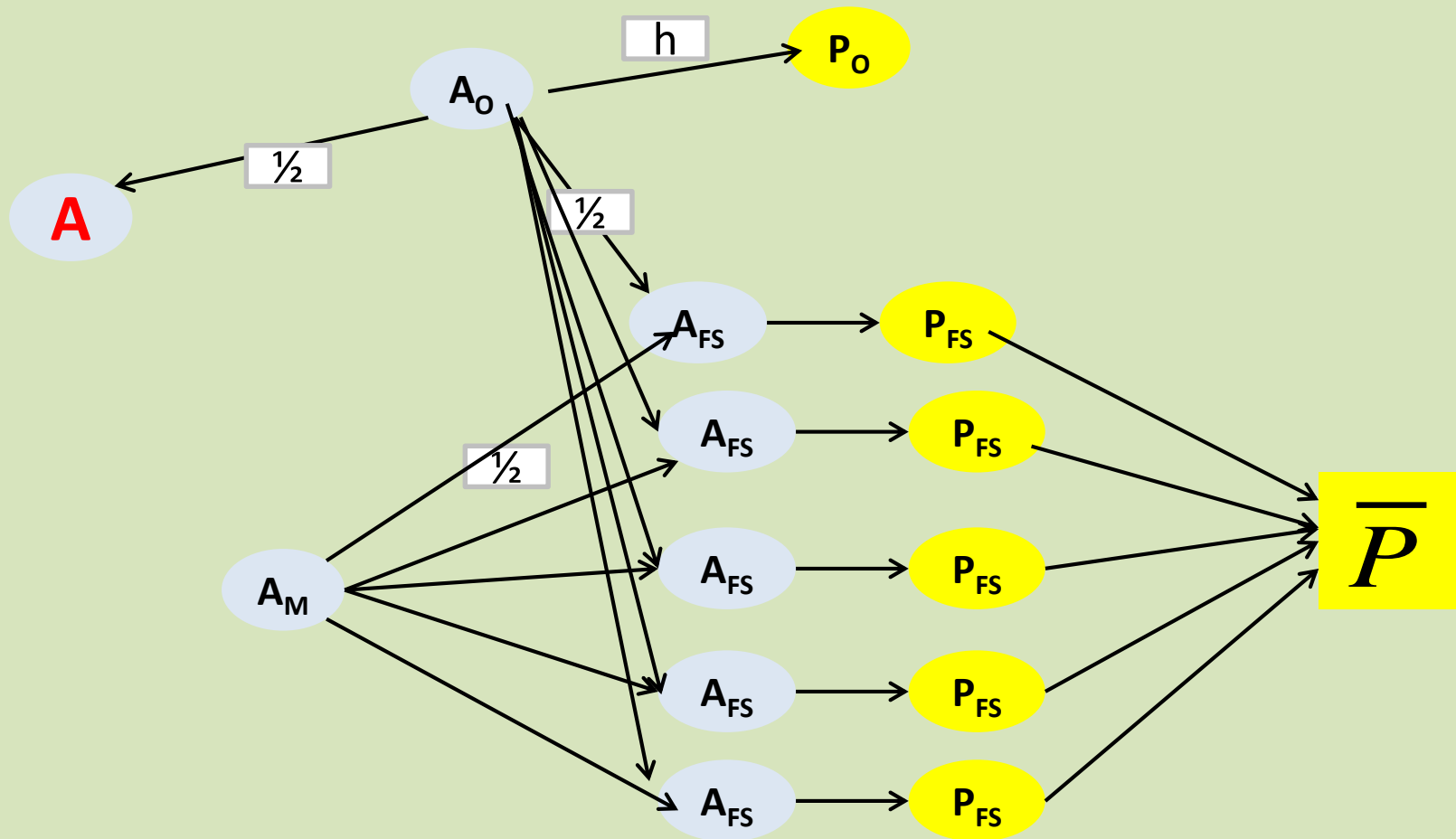
Fenotyp półsiostry (półbrata)

$$R = 0,25 \cdot h \qquad b = R \cdot h = 0,25 \cdot h^2$$

# Źródła informacji



# Źródła informacji





# Źródło – grupa krewnych

$$R = r \sqrt{\frac{nh^2}{1 + (n-1)r_a h^2}}$$

$$b = r \frac{nh^2}{1 + (n-1)r_a h^2}$$

$r$  – wsp. spokrewnienia osobnika ocenianego z grupą krewnych

$r_a$  – wsp. spokrewnienia między krewnymi tworzącymi grupę

# Źródła informacji

Własny fenotyp:

$$R = h$$

$$b = h^2$$

Fenotyp krewnego

$$R = rh$$

$$b = rh^2$$

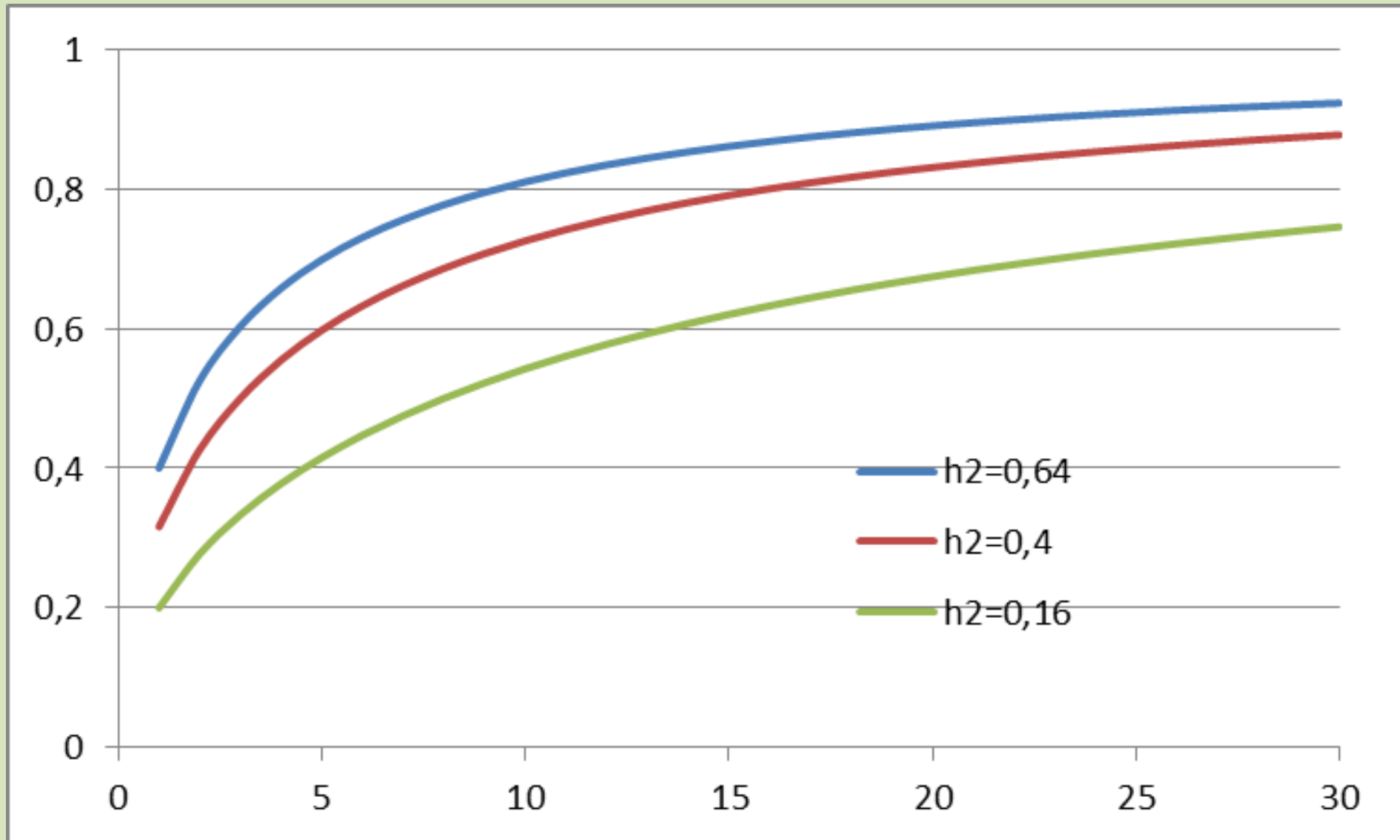
Grupa krewnych

$$R = r \sqrt{\frac{nh^2}{1 + (n-1)t}}$$

$$b = r \frac{nh^2}{1 + (n-1)t}$$

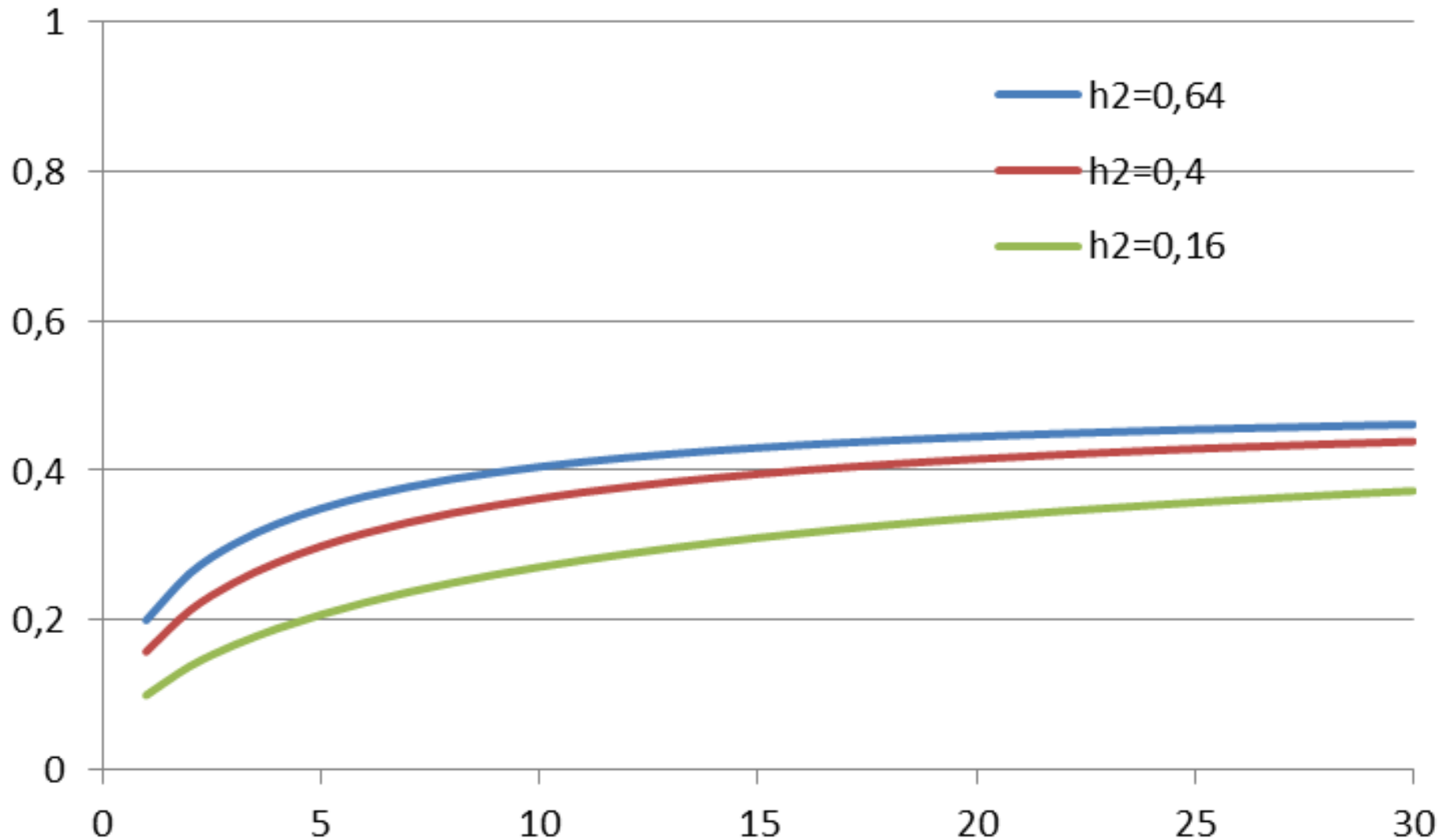
# Dokładność zależnie od liczebności grupy

## Grupa potomstwa będącego półrodzeństwem



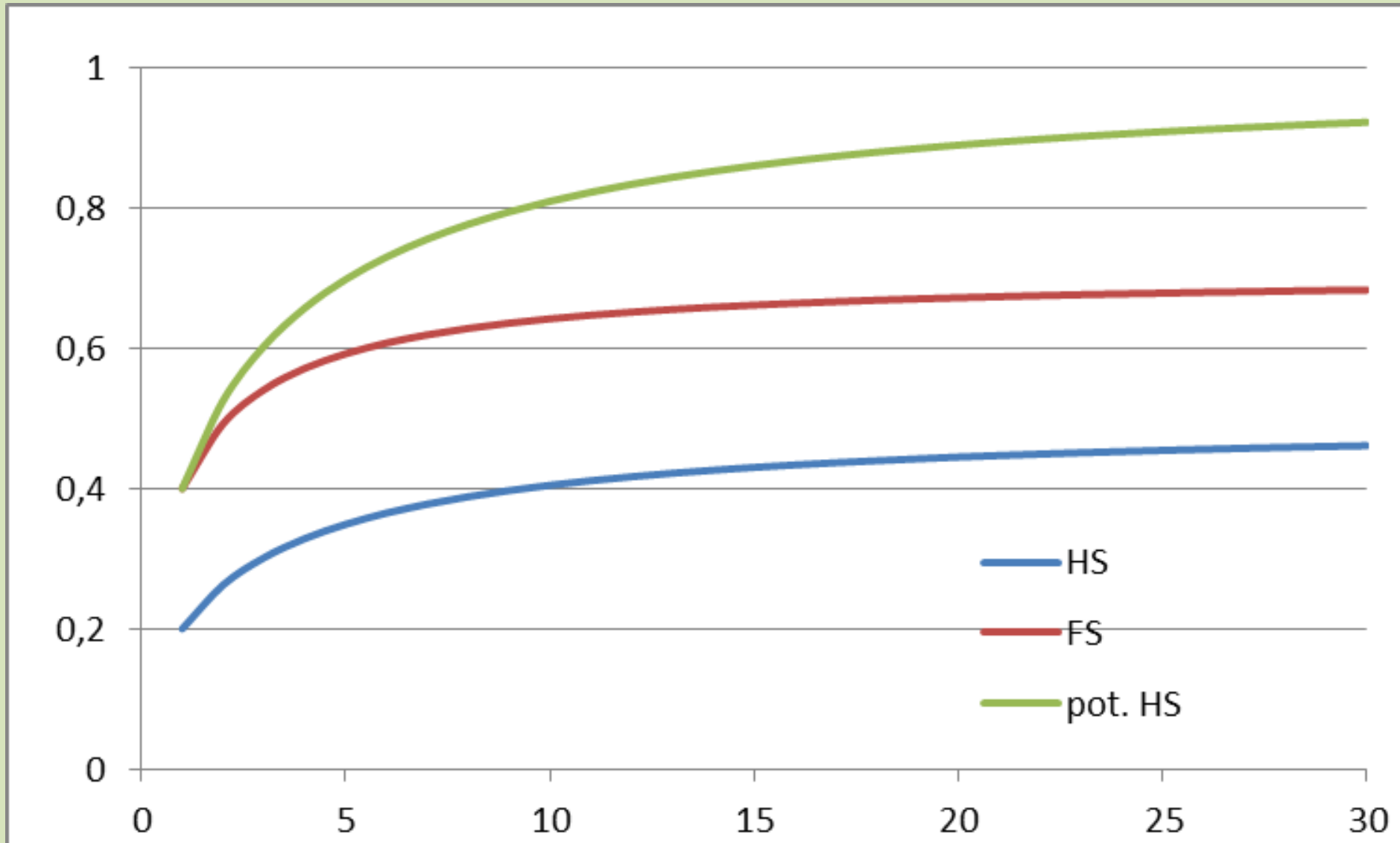
# Dokładność zależnie od liczebności grupy

## Grupa półrodzeństwa będącego półrodzeństwem



# Dokładność zależnie od rodzaju grupy

wsp. odziedziczalności = 0,64



# Dokładność zależnie od rodzaju grupy

wsp. dziedziczalności = 0,25

n	HS	FS	pot. HS
1	0,125000	0,250000	0,250000
5	0,250000	0,456435	0,500000
10	0,316228	0,542326	0,632456
50	0,438529	0,662266	0,877058
100	0,466252	0,683586	0,932505
500	0,492665	0,702208	0,985329
1000	0,496292	0,704645	0,992583
5000	0,499252	0,706612	0,998503
10000	0,499625	0,706859	0,999251

# Graniczne wartości dokładności dla źródeł:

Własny fenotyp	$h$
Półrodzeństwo	$h$
Pełne rodzeństwo i potomstwo będące pełnym rodzeństwem	$\sqrt{2} \cdot h$
Potomstwo będące półrodzeństwem	$1$

# Łączenie źródeł informacji

Jeśli połączone zostaną dwa źródła to dokładność będzie większą od dokładności każdego źródła oddzielnie:

Własny fenotyp ( $P_w$ ) i rodzina (FS) ( $\bar{P}_R$ )

$$A = b_1 \cdot (P_w - \bar{P}) + b_2 (\bar{P}_R - \bar{P})$$

$$b_1 = \frac{h^2}{2 - h^2} \quad b_2 = \frac{2nh^2}{2 + (n-1)h^2} \cdot \frac{1 - h^2}{2 - h^2}$$





Dziękuję,  
na dzisiaj  
wystarczy