

Analiza danych rodowodowych

Spokrewnienie

$$R_{x,y} = \frac{\sum \left(\frac{1}{2}\right)^n (1 + F_{wsp})}{\sqrt{(1 + F_x)(1 + F_y)}}$$

F_{wsp} – współczynnik inbredu wspólnego przodka
 F_x, F_y – współczynniki inbredu ocenianych osobników

Inbred (wzór uproszczony)

$$F_x = 0,5 * R_{A,B}$$

$R_{A,B}$ – spokrewnienie rodziców ocenianego osobnika

Szacowanie odziedziczalności - Analiza wariancji klasyfikacja pojedyncza

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

Lss – Liczba stopni swobody; SKO – Suma kwadratów odchyień; $ŚKO$ – Średni kwadrat odchyień;
 k - liczba grup; N – liczba wszystkich obserwacji; n_i – liczba obserwacji w grupie i , n – uśredniona liczebność osobników w grupie

$$S_0 = \sum x_{ij}^2$$

$$S_1 = \sum \frac{(\sum x_i)^2}{n_i}$$

$$S_2 = \frac{(\sum x_{ij})^2}{N}$$

Układ nieortogonalny, uśredniona liczebność osobników w grupie (n):

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

Odziedziczalność:

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

Szacowanie powtarzalności - Analiza wariancji klasyfikacja pojedyncza

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

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

Genetyka populacji

Frekwencje genotypów wg prawa Hardy'ego i Weinberga (loci wieloalleliczne):

Frekwencja homozygot: p_i^2

Frekwencja heterozygot: $2 p_i p_j$

gdzie: p_i to frekwencja allelu i

Migracje

$$p_t = p^* + (1-m)^t (p - p^*)$$

p - frekwencja genu w populacji miejscowej

p_t - frekwencja genu po t pokoleniach

p^* - frekwencja genu w populacji z której pochodzą osobniki migrujące

t - liczba pokoleń, lat

m - udział osobników migrujących w populacji miejscowej, wskazuje na tempo przepływu genów

$$m = \frac{\text{liczba osobników migrujących}}{\text{liczba osobników w populacji miejscowej} + \text{liczba osobników migrujących}}$$

Mutacje

- u - zmiana allelu A w a
- v - zmiana allelu a w A

Mutacja jednokierunkowa:

- $\Delta p = (1-p)v$ $p_t = p_0(1-u)^t$
- $\Delta q = (1-q)u$ $q_t = q_0(1-v)^t$

Możliwość mutacji odwrotnej:

p' - frekwencja po jednym pokoleniu

- $p' = p + vq - up$
- $q' = q - vq + up$

Jeżeli $p = p'$ to $v \cdot q = u \cdot p$

Selekcja

$$s + w = 1$$

w - współczynnik względnego dostosowania

s - współczynnik selekcji przeciwko danemu genotypowi

	Genotyp			Ogółem
	AA	Aa	aa	
Pokolenie 0	p^2	$2pq$	q^2	$p^2 + 2pq + q^2 = 1$
Współczynnik dostosowania	w_{11}	w_{12}	w_{22}	
Frekwencja po selekcji	$p^2 w_{11}$	$2pq w_{12}$	$q^2 w_{22}$	$= p^2 w_{11} + 2pq w_{12} + q^2 w_{22}$

$$p' = \frac{p^2 w_{11} + pq w_{12}}{p^2 w_{11} + 2pq w_{12} + q^2 w_{22}}$$

$$q' = \frac{q^2 w_{22} + pq w_{12}}{p^2 w_{11} + 2pq w_{12} + q^2 w_{22}}$$

Selekcja przeciw genotypowi recesywnemu

$$\Delta q = \frac{-sq^2(1-q)}{1-sq^2} \quad q_1 = \frac{q(1-sq)}{1-sq^2}$$

s - selekcja przeciw genotypowi recesywnemu ($s < 1$)

Δq - zmiana we frekwencji allelu

Całkowita eliminacja homozygot ($s=1$):

$$q_t = \frac{q_0}{1 + tq_0} \quad t = \frac{q_0 - q_t}{q_0 q_t}$$

q_0 - frekwencja allelu a w pokoleniu wyjściowym

q_t - frekwencja allelu a w pokoleniu t

Ocena wartości hodowlanej

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}_n)	$\sqrt{\frac{nh^2}{1+(n-1)Re}}$	$\frac{nh^2}{1+(n-1)Re}$

Objaśnienia do tabeli:

h^2 - odziedziczalność

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

r - współczynnik spokrewnienia ocenianego osobnika i krewnego

n - liczba krewnych lub liczba pomiarów

t - współczynnik korelacji wewnątrzklasowej

Re - powtarzalność

$$G_i = b \cdot (P_{zr} - \bar{P}) + \bar{P}$$

$$t = r_g \cdot h^2$$

Selekcja

$$\Delta G = h^2(\bar{P}_s - \bar{P}) = h^2 DS$$

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

ΔG - postęp hodowlany

DS - różnica selekcyjna

\bar{P}_s - średnia selektów

\bar{P} - średnia stada/populacji

h_f^2 - odziedziczalność rodzinowa