**Analiza danych rodowodowych**

**Spokrewnienie**

 *Fwsp – współczynnik inbredu wspólnego przodka*

 *Fx, Fy – współczynniki inbredu ocenianych osobników*

**Inbred**

Fx=0,5 \* RA,B *RA,B – spokrewnienie rodziców ocenianego osobnika*

**Szacowanie odziedziczalności - Analiza wariancji klasyfikacja pojedyncza**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Źródła zmienności | Lss | SKO | ŚKO | Wartość oczekiwana ŚKO |
| Między grupami | k-1 | SKOmg.= S1-S2 | SKO/Lss |  |
| W obrębie grup | N-k | SKOwg.= S0-S1 | SKO/Lss |  |

*Lss – Liczba stopni swobody;SKO – Suma kwadratów odchyleń; ŚKO – Średni kwadrat odchyleń;*

*k - liczba grup; N – liczba wszystkich obserwacji; ni – liczba obserwacji w grupie i*

Układ nieortogonalny, uśredniona liczebność grup (n.):

Odziedziczalność:

**Szacowanie powtarzalności - Analiza wariancji klasyfikacja pojedyncza**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Źródła zmienności | Lss | SKO | ŚKO | Wartość oczekiwana ŚKO |
| Między grupami | k-1 | SKOmg.= S1-S2 | SKO/Lss |  |
| W obrębie grup | N-k | SKOwg.= S0-S1 | SKO/Lss |  |

**Genetyka populacji**

Migracje

pt= p’ + (1-m)t (p-p’)

*p - frekwencja genu w populacji miejscowej*

*pt - 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*

Mutacje

* *u – zmiana allelu A w a*
* *v – zmiana allelu a w A*

Mutacja jednokierunkowa:

* Δp=(1-p) v pt=p0 (1-u)t
* Δq=(1-q) u qt=q0 (1-v)t

Możliwość mutacji odwrotnej:

*p' – frekwencja po jednym pokoleniu*

* p’= p + vq – up
* q’= q – vq + up

Jeżeli p = p’ to v\*q = u\*p

Selekcja

*s + w = 1*

*w – współczynnik względnego dostosowania*

*s- współczynnik selekcji przeciwko danemu genotypowi*

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | Genotyp | Ogółem |
|  | AA | Aa | aa |  |
| Pokolenie 0 | p2 | 2pq | q2 | p2+2pq+q2=1 |
| Współczynnikdostosowania | w11 | w12 | w22 |  |
| Frekwencja po selekcji | p2w11 | 2pqw12 | q2w22 | = p2w11 + 2pqw12 + q2w22 |

Selekcja przeciw genotypowi recesywnemu

 

*s – selekcja przeciw genotypowi recesywnemu (s<1)*

*Δq – zmiana we frekwencji allelu*

Całkowita eliminacja homozygot (s=1):

 

*q0 – frekwencja allelu a w pokoleniu wyjściowym*

*qt – frekwencja allelu a w pokoleniu t*

**Ocena wartości hodowlanej**

**Objaśnienia do tabeli:**

h2 - odziedziczalność

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Źródła informacji o wartości hodowlanej | Rwspółczynnik korelacji, dokładność oceny | bwspółczynnik regresjih – pierwiastek z h2, korelacja pomiędzy fenotypem a wartością hodowlanąh2 - odziedziczalność |
| Własny fenotyp (Pi) | h | h2 |
| Fenotyp pojedynczego krewnego (Pi) | rh | rh2r – współczynnik spokrewnienia ocenianego osobnika i krewnego |
| Średnia grupy krewnych() | r | rn – liczba krewnych lub liczba pomiarówt – współczynnik korelacji wewnatrzklasowej wewnątrzklasowej w grupie wydajności |
| Średnia z wielokrotnych pomiarów () |  | Re – powtarzalność |

**Selekcja**

|  |  |
| --- | --- |
|  | ***ΔG –*** *postęp hodowlany****DS –*** *różnica selekcyjna* |