

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

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

$R_{A,B}$ – 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	$\sigma_e^2 + n. \sigma_s^2$
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

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

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

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

Układ nieortogonalny, uśredniona liczebność grup (n.):

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

Odziedziczalność:

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

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	$\sigma_e^2 + n. \sigma_c^2$
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

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

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

Efektywna wielkość populacji

$$Ne = \frac{4N_m N_f}{N_m + N_f}$$

• N_m – liczba samców; N_f – liczba samic

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{t} \left(\frac{1}{N_0} + \frac{1}{N_1} + \dots + \frac{1}{N_t} \right)$$

N_e – efektywna wielkość populacji
 T – liczba pokoleń
 $N_0, N_1, (\dots)$ – liczba osobników w pokoleniu

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

Selekcja

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

$$R = h$$

ΔG – postęp hodowlany; DS – różnica selekcyjna; R – dokładność oceny

$$\Delta G_f = h_f^2 DS$$

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

$$R_f = \frac{1+(n-1)r}{\sqrt{n[1+(n-1)t]}} h$$

h_f^2 – odziedziczalność rodzinowa; n – średnia liczebność osobników w rodzinie; R_f – dokładność oceny

$$\Delta G_w = h_w^2 DS$$

$$h_w^2 = \frac{1-r}{1-t} h^2$$

$$R_f = (1-r) \sqrt{\frac{n-1}{n(1-t)}} h$$

h_w^2 – odziedziczalność wewnątrzrodzinowa; n – średnia liczebność osobników w rodzinie

Punkt brakowania $x_i = \bar{P}_o + x_{tab} * \sigma_P$

Gdzie: x_{tab} – wartość odczytana z tablic dla określonego p (frakcja wybierana)

Tempo przyrostu inbrodu

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

Przyrost inbrodu na pokolenie

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

t - liczba pokoleń

N_e – efektywna wielkość populacji

Dobór jednorodny i niejednorodny

Depresja inbredowa ($\Delta\mu$):

$$\Delta\mu = \mu_{F_1} - \mu_P$$

Depresja inbredowa przy modelu jednego locus:

$$\Delta\mu = -2pq \cdot F \cdot d$$

Heterozja $H_{F_1} = \mu_{F_1} - \mu_{\bar{P}} = dy^2$ $H_{F_2} = \mu_{F_2} - \mu_{\bar{P}} = \frac{1}{2} dy^2$

Wskaźnik heterozji (V_H):

$$V_H = \frac{H_{F_1}}{\mu_{\bar{P}}} \cdot 100 \%$$