**Dobór jednorodny**

**Wytwarzanie linii wsobnych: poziom inbredu (*F*) w pokoleniu *t* w zależności od sposobu kojarzeń:**

- pełne rodzeństwo lub potomek z młodszym z rodziców: $F\_{t}=\frac{1}{4}(1+2F\_{t-1}+F\_{t-2})$

 - półrodzeństwo: $F\_{t}=\frac{1}{8}(1+6F\_{t-1}+F\_{t-2})$

- wsteczne z ojcem: $F\_{t}=\frac{1}{4}(1+2F\_{t-1})$

**Efektywna wielkość populacji (*Ne*)** $Ne= \left(\frac{ 4∙ N\_{m}∙ N\_{f}}{N\_{m}+ N\_{f}}\right)$

**-** kojarzenia losowe: $\frac{1}{Ne}=\frac{1}{4}\left(\frac{1}{N\_{m}}+\frac{1}{N\_{f}}\right)$

 - kojarzenia nielosowe: $\frac{1}{Ne}=\frac{1}{16}\left(\frac{3}{N\_{m}}+\frac{1}{N\_{f}}\right)$

gdzie *Nm* -liczba samców a *Nf*  - liczba samic

Przyrost inbredu na pokolenie: trzeba znać

**Poziom inbredu w pokoleniu *t*:**

 $F\_{t}=1-\left(1-∆F\right)^{t}$ lub $F\_{t}=∆F+\left(1-∆F\right)∙F\_{t-1}$

Depresja inbredowa (*∆µ*) trzeba znać

**Depresja inbredowa przy modelu jednego locus:** $∆μ=-2pqF∙d$

**Odziedziczalność w populacji zinbredowanej:**  $ h\_{F}^{2}=\frac{ h^{2 }(1-F)}{1- h^{2}F} $

**Dobór niejednorodny**

Heterozja: trzeba znać

**Wskaźnik heterozji (VH):** $V\_{H}=\frac{H\_{F\_{1}}}{μ\_{\overbar{P}}}∙100 \%$

**Model jednego locus**: $H\_{F\_{1}}=dy^{2}$ gdy *y = p – p’*

**Model liniowy wartości genotypowej mieszańców wg. Dickersona:**

gi  – wartość addytywna formy rodzicielskiej mi  – wartość efektu matki

HI – efekt heterozji indywidualnej; Hm – efekt heterozji matecznej

**Model zwierzęcia czystorasowego:** $P\_{(AxA)}=g\_{A}+m\_{A}$

**Model mieszańca dwurasowego (A x B lub B x A):**

$$P\_{(AxB)}=\frac{1}{2}g\_{A}+\frac{1}{2}g\_{B}+m\_{B}+H\_{AB}^{I} lub P\_{(BxA)}=\frac{1}{2}g\_{B}+\frac{1}{2}g\_{A}+m\_{A}+H\_{BA}^{I} $$

**Model mieszańca trzyrasowego (A x CB):**

$$P\_{(AxCB)}=\frac{1}{2}g\_{A}+\frac{1}{4}g\_{C}+\frac{1}{4}g\_{B}+\frac{1}{2}m\_{C}+\frac{1}{2}m\_{B}+H\_{CB}^{m}+\frac{1}{2}H\_{AB}^{I}+\frac{1}{2}H\_{AC}^{I}$$

**Model mieszańca czterorasowego (AB x CD):**

$$P\_{(ABxCD)}=\frac{1}{4}g\_{A}+\frac{1}{4}g\_{B}+\frac{1}{4}g\_{C}+\frac{1}{4}g\_{D}+\frac{1}{2}m\_{C}+\frac{1}{2}m\_{D}+H\_{CD}^{m}+\frac{1}{4}H\_{AC}^{I}+\frac{1}{4}H\_{AD}^{I}+\frac{1}{4}H\_{BC}^{I}+\frac{1}{4}H\_{BD}^{I}$$

**Ogólna i specyficzna zdolność kombinacyjna:**

$$P\_{AB}=\frac{1}{2}O\_{A}+\frac{1}{2}O\_{B}+S\_{AxB}$$

**Specyficzna zdolność kombinacyjna (SAxB)** $S\_{AxB}=P\_{AB}-\frac{O\_{1}+O\_{2}}{2}$

## Ocena wartości hodowlanej

**Fenotyp własny:**

* pojedynczy pomiar: trzeba znać
* średnia z n pomiarów:



 

**Ocena na podstawie krewnych:**

* wartość fenotypowa pojedynczego krewnego: trzeba znać
* Ocena na podstawie grupy krewnych:

 

**Łączenie źródeł informacji:**



|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Źródło informacji** | **b1** | **b2** | **R** |
| Matka (1) i ojciec (2) |  |  |  |
| Matka (1) i babka (2)  |  |  |  |
| Osobnik (1) i matka (2) |  |  |  |
| Osobnik (1), matka (2) i ojciec (2) |  |  |  |
| Matka (1) i półrodzeństwo (2) |  |  |  |
| Osobnik (1) i rodzina pełnego rodzeństwa (2) |  |  |  |
| Osobnik (1) i rodzina ogólnie\* (2) |  |  |  |

z grup pełnego rodzeństwa po *m* osobników każda $r=\frac{n+m-2}{4\left(n-1\right)}$

Ocena na podstawie cech skorelowanych:

**Indeks selekcyjny**

Dla indeksu 2-cechowego:





Dokładność indeksu

Średnia indeksu  Indeks po standaryzacji 

**Selekcja**

Postęp hodowlany (*G*), różnica selekcyjna, standaryzowana różnica selekcyjna: trzeba znać

G = R *i* G - *przewidywany postęp hodowlany*

w przypadku selekcji masowej: G = h2 *i* P

* Selekcja indywidualna / masowa: trzeba znać
* Selekcja rodzinowa

Gf = hf2 DS  

gdzie: *hf2* – odziedziczalność rodzinowa, *n* – średnia liczba osobników w rodzinie

* Selekcja wewnątrzrodzinowa

Gw = hw2 DS  

gdzie: *hw2* – odziedziczalność wewnątrzrodzinowa, *n* – średnia liczba osobników w rodzinie

*t* – korelacja wewnątrzklasowa (trzeba znać)

niezależne poziomy brakowania: trzeba znać

**Przekazywanie postępu hodowlanego**

* z uwzględnieniem dwóch ścieżek:

 

 

gdzie:  – intensywność selekcji odpowiednio dla samców (S) i samic (D)

  – odstęp międzypokoleniowy odpowiednio dla samców (S) i samic (D)

* z uwzględnieniem czterech ścieżek:

 