

Odhad plemenné hodnoty

doc. Ing. Tomáš Urban, Ph.D.
urban@mendelu.cz



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Genetická variabilita > jedinci s různými genotypy
> různí jedinci mají různou genetickou hodnotu

Pro šlechtitele je důležitá plemenná hodnota >
ovlivněna např. interakcemi mezi alelami v
lokusu, ...

Gamety = 1 alela >>> PH závisí na efektech
individuální alely, ne na efektech alelického páru
na lokusu



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Plemenná hodnota – hodnota genů zvířete, které jsou předány jeho potomkům

(součet efektů všech jeho genů pro danou vlastnost)

Plemenná hodnota – pravděpodobnost, že potomstvo bude vykazovat dobré genetické založení



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

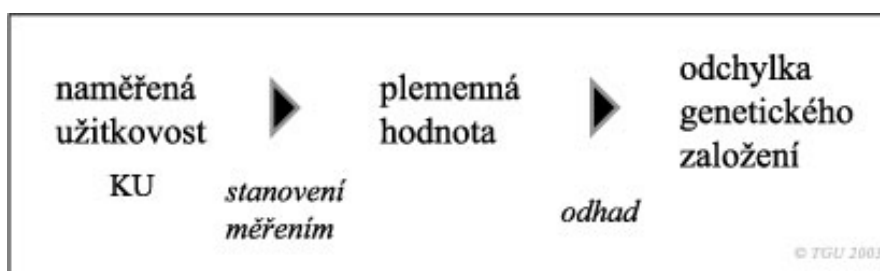
Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Plemenná hodnota a genetické založení

Kvantitativní charakter užitkových vlastností

Lze zjistit rozdíly mezi užitkovostmi způsobené různými genotypy.
Tyto rozdíly jsou **odhadnutelné**

PH - odhad genetického založení jedince (jeho jedinečný genotyp) vyjádřené odchylkou v užitkové vlastnosti od průměru vrstevníků



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Odhad plemenné hodnoty (OPH)

- je proces *očistění* genetických vlivů působících na užitek od činitelů NEGENETICKÉ povahy a vše ostatní „odstranit“ z vlivu

Na základě závisle proměnné užitečnosti chci odhadnout genetické založení jedince \Rightarrow testace zvířat a jejich matematické vyhodnocení

Stanovit přímý účinek genotypu jedince na vlastní užitek a to genů s **aditivním** účinkem

OPH – odhad odchylky genetického založení.



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Genetické založení je „neodhadnutelné“, ale odhadnutelné jsou **rozdíly** v genetickém založení pomocí PH

přímé změření: $h^2 = 1$, nebo ∞ potomků

OPH = odhad rozdílů genetického založení (nejde o absolutní užitek)

- jedná se o odchylku od průměru vrstevníků (referenční populace):

$$D = y_i - \mu$$

Kontrola užitečnosti a výkonná výpočetní technika \Rightarrow přesto získáváme jen *odhady*



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Prostřed'ové efekty

Genetika kvantitativních znaků

Náhodné prostřed'ové efekty (nesystematické)

Nejistitelná proměnlivost

U každého jedince v různém směru (+ -) a velikosti

Působí krátkodobě a na jedince (nelze kvantifikovat)

Nelze fenotypovou hodnotu od těchto efektů očistit

Systematické efekty pevné

Působí na celou skupinu jedinců a dlouhodobě

Většinou jsou prostřed'ové

Můžeme je eliminovat

uspořádáním podmínek (standardizace)

Matematicky – efekty v modelech

u BLUP se rozlišují **pevné a náhodné systematické efekty**

Vnější (oblast, podnik, stáj, rok, období, výživa, ošetřovatelé, ...)

Vnitřní (věk jedinců, věk matky, pohlaví, četnost vrhu, pořadí vrhu, pořadí laktace, ...)

Eliminace – pomocí korekčních faktorů se očišťují data pro OPH či genetických parametrů (h^2 , r_{op} , r_G) – v metodě MNC

Fenotypová hodnota: $P = A + E^*$

E^* (D, I, náhodné prostředí) A (aditivní efekt)



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Odhad PH

Př. Býk měl výrazně lepší (350 kg) hmotnost v 1 roce) než populační průměr (300 kg).

Jeho fenotyp jako odchylka je +50 kg.

Je však tato fenotypová odchylka způsobena jen genetickými rozdíly?

Býk by mohl být dobrý podle svých genů, ale také z důvodu, že se vyvíjel v lepších podmínkách.

Otázka zní, jaká část fenotypových odchylek je způsobena genetickými, tzn. plemennou hodnotou?



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

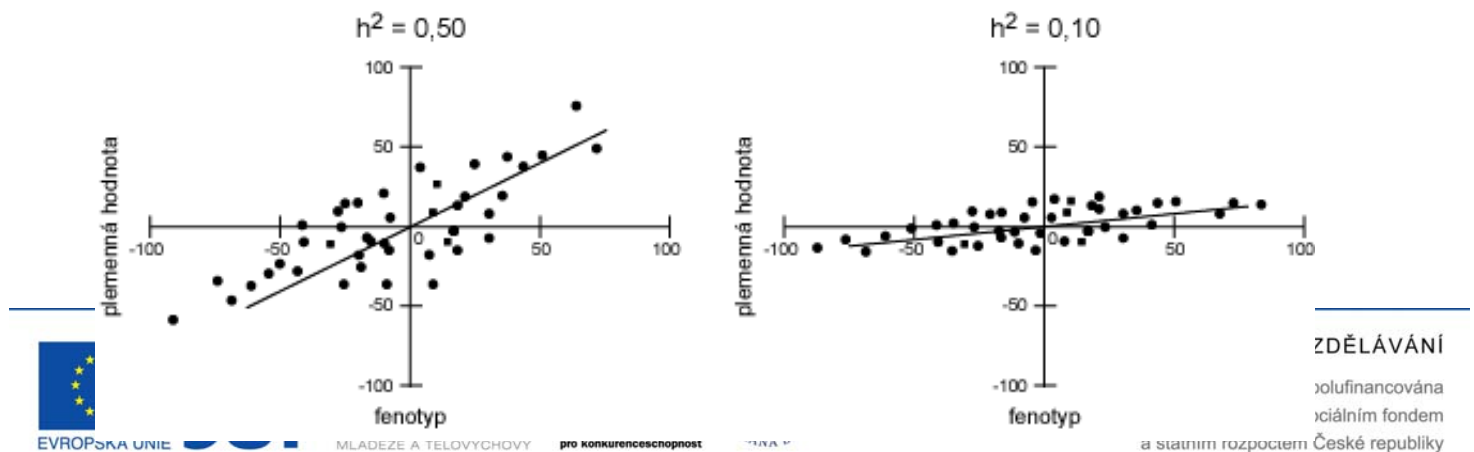
OPH = heritabilita + fenotypová odchylka

Větší část fenotypových rozdílů je připisována plemenné hodnotě, je-li heritabilita vyšší.

Plemenná hodnota je odhadována regresí. Směrnice regresní přímky je heritabilita, která nám říká, jak velký rozdíl plemenné hodnoty lze očekávat za jednotku rozdílu fenotypu.

Při informaci o vlastní užítkovosti zvířete je váha informace $b = h^2$

více informací - zvýšení přesnosti OPH, tj. informace o korelovaných vlastnostech nebo o příbuzných jedincích, a lze vypočítat více vah mnohonásobným regresním modelem.



Jednoduché vyjádření OPH

$$\text{OPH} = b \cdot D$$

$$D = y_i - \mu$$

$$b = \frac{r^2}{a} \quad \hat{a}_i \approx$$

r^2 – **spolehlivost** odhadu PH (reliability $\approx R$ – v katalogích) – determinanční koeficient; umocněná korelace

r – **přesnost** (odmocnina spolehlivosti), korelace mezi genotypem (skutečnou PH) a fenotypem (OPH); spolehlivost je větší než přesnost

a – **aditivní příbuznost** ke zdroji informací

$$b_{(a,y)} = \frac{\sigma_{a,y}}{\sigma_y^2} = \frac{\text{COV}_{a,y}}{\text{var}_y} = \frac{\text{COV}_{(a,a+e)}}{\text{var}_y} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_y^2} = h^2$$

Regrese PH na fenotypovou hodnotu jedince

Přesnost OPH - r

Vlastnosti OPH

$$r_{a,y} = \frac{\sigma_{a,y}}{\sigma_a \sigma_y} = b_{a,y} \cdot \frac{\sigma_y}{\sigma_a} = h$$

Přesnost: kolik rozdílů mezi SPH jsme schopni vysvětlit na základě OPH

Při odhadu PH na základě fenotypu platí: $r_{a,y} = r_{a,\hat{a}}$

$$r_{a,\hat{a}} = \frac{\text{COV}_{a,\hat{a}}}{\sigma_a \sigma_{\hat{a}}} = \frac{\text{COV}_{a,b(y-\mu)}}{\sigma_a \sigma_{b(y-\mu)}} = \frac{b \cdot \text{COV}_{a,y}}{\sigma_a \cdot b \cdot \sigma_y} = \frac{\text{COV}_{a,y}}{\sigma_a \sigma_y} = r_{a,y}$$

Přesnost: korelace mezi SPH a OPH

Spolehlivost OPH – r^2

$$r^2$$

Zvíře s $\downarrow r^2$ má $\uparrow D$ - nízká spolehlivost ale JE LEPŠÍ

\Rightarrow obě mají stejnou PH

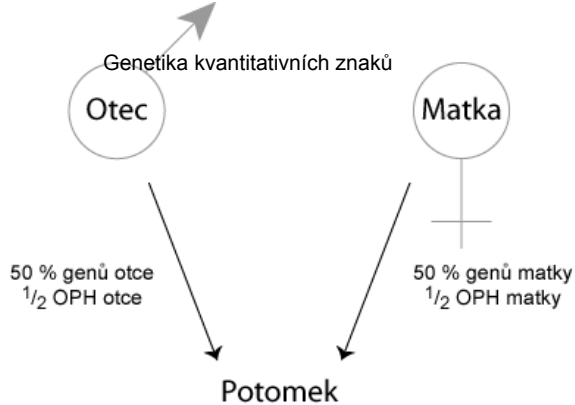
Zvíře s $\uparrow r^2$ má $\downarrow D$

Porovnání OPH zvířat s různými skupinami vrstevníků

$$\text{OPH} = b \cdot D$$

jedinec	Hmotnost v 1 roce	Průměr vrstevníků	Fenotypová odchylka	OPH
Karel	330	300	+30	+12
Rudolf	300	260	+40	+16

$$h^2 = 0,40$$



Očekávaná PH potomstva - PH_p

$$PH_p = \frac{1}{2} (PH_O + PH_M)$$

PH rodičů $\frac{1}{2} + \frac{1}{2} = 1$ potomek

očekávaná hodnota potomka = $\frac{1}{2} OPH_{otce} + \frac{1}{2} OPH_{matky}$

Očekávaná užítkovost potomstva - U_p

Př.

$$U_p = U + PH_p$$

otec PH	+ 500	1/2
matka PH	+ 100	1/2
PH_p	+ 300	1

Cíl: růst genetické úrovně ve stádě; chceme, aby posun od U k U_p byl co nejvyšší - **maximální.**

průměrná užítkovost rodičů (stáda) **5000** kg mléka

? Průměrná užítkovost potomků ?

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Spolehlivost selekce (\sim OPH)

$$\sigma_{OPH}^2 = r^2 \cdot \sigma_G^2$$

$$r^2 = \frac{\sigma_I^2}{\sigma_G^2}$$

$$= \frac{\sigma_{OPH}^2}{\sigma_G^2} \approx \frac{\sigma_A^2}{\sigma_G^2}$$

Spolehlivost potomstva (PH_p)

$$r^2 = \frac{1}{4} (r_O^2 + r_M^2)$$

Př.

	PH	r^2 (%)
otec	+ 500	80
matka	+ 100	20
PH_p	+ 300	25 (100:4)

Předpovídáme PH_p se spolehlivostí 25 %.

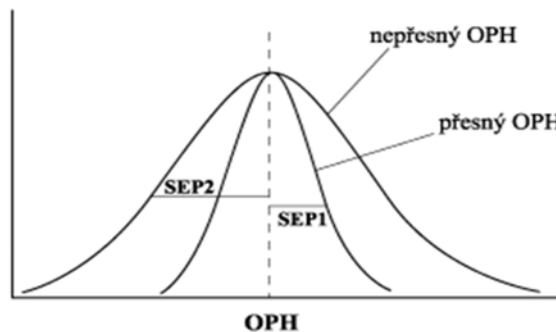
Střední chyba variance a předpovědi OPH

Střední chyba variance předpovědi: $PEV = \sigma_{OPH-SPH}^2 = \frac{1-r^2}{n} \sigma_A^2$

Střední chyba předpovědi PH: $SEP = SE_{OPH} = \sqrt{PEV}$

Předpověď chyby OPH bude větší, čím menší bude přesnost OPH

Distribuce skutečné PH (SPH) danou odhadovanou PH (OPH)



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Existují 2 případy:

r^2 je nízká a PH je vysoká – extrém (obrovská odchylka od průměru vrstevníků)

r^2 je vysoká a PH je vysoká (když má být PH velká, pak musí být velká buď r^2 , D nebo oboje)

Stejná chyba je, když je:

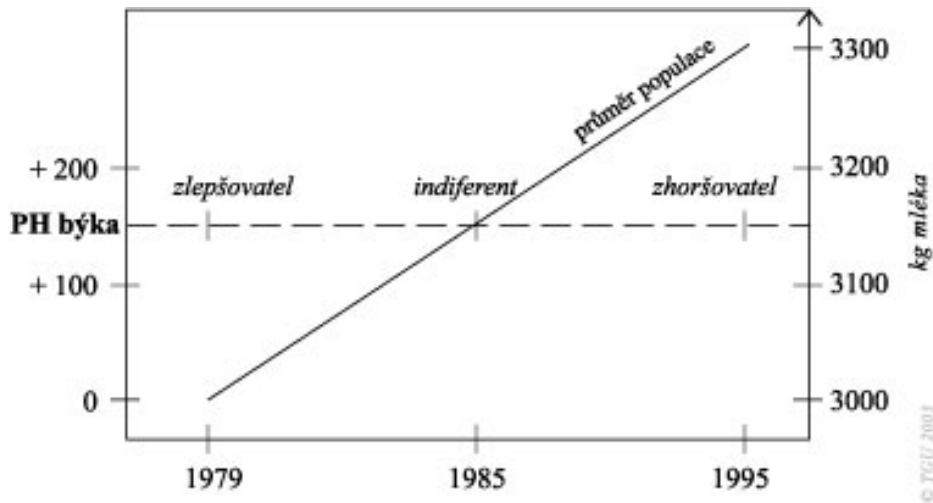
- malý počet zvířat ohodnocených přesně
- větší počet zvířat ohodnocených méně přesně



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

PH zvířete je vyjádřena vzhledem k vrstevníkům v konkrétním čase a místě!



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Genetický zisk na základě OPH

$$\sigma_{OPH}^2 = \sigma_A^2$$

Selekční diferenciál u rodičů: $d = i \sigma_{OPH}^2$

Genetický zisk: $\Delta G = \frac{1}{2} (d_{otce} + d_{matky})$ (popř. $\Delta G = d$)

Genetický zisk na základě vlastní užitkovosti

$$\Delta G = i \cdot h^2 \cdot \sigma_p$$

$$r_{IA} = h \quad \text{a} \quad h \cdot \sigma_p = \sigma_A \quad \text{pak} \quad \Delta G = i \cdot r_{IA} \cdot \sigma_A$$

$$\Delta G_{rok} = \frac{i_{otcu} \cdot r_{IA\ otcu} + i_{matek} \cdot r_{IA\ matek}}{L_{otcu} + L_{matek}} \cdot \sigma_A$$

Genetický zisk je přímo vázán na přesnost OPH.



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Př.

$$\sigma_A = 19 \quad i = 0,80$$

$$\Delta G = i \cdot r_{IA} \cdot \sigma_A$$

Selekce na	r	Očekávaný genetický zisk	Realizovaný genetický zisk
OPH – průměru rodičů	0,45	+6,8	+5
OPH – vlastní užítkovost	0,63	+9,5	+11
Skutečná PH	1	+15	+17



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Historie vývoje metod OPH

Selekční indexy pro OPH jedince

Vypočítaná hodnota > selekční kritérium (obsahovaly váhy pro různé informace); jedinci s nejvyšší hodnotou > pro plemenitbu

Hazel a Lush (1942), rozvinul Henderson (1963) – metodu nejmenších čtverců

Problém vychýlenosti pro nebalancovanost údajů pro systematické efekty prostředí

OPH plemeníků na základě užítkovosti potomků

Robertson a Rendel (1954) – dcery plemeníka se porovnávaly se *současnými vrstevnicemi* (contemporary comparison)

Henderson et al. (1954) – dcera plemeníka se všemi stádovými vrstevnicemi po jiných plemenících (s průměrnou užítkovostí stáda v daném období)

Těžko splnitelné podmínky – neexistence interakcí mezi plemeníky a stádem, nezohlednění genetické úrovně skupin dojnic

BLUP pro OPH

Lineární smíšené modely (korekce na fixní systematické efekty, pak odhad genetických parametrů a PH)

Spolehlivý odhad variance a kovariance; system. efekty – fixní a náhodné

Henderson (1963, 1973) – sire model, dam model

BLUP – AM (komplexnější přístup) – individuální model (animal model)

(Henderson 1988)

(Quaas a Pollak (1980)

Hodnotí se každé zvíře samostatně a současně v závislosti na příbuzných jedincích

Každé zvíře má svou rovnici

Spojení rovnic pomocí matice aditivní genetické příbuznosti **A**



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Zpřesnění odhadu plemenné hodnoty

- opakování užitekosti
- počty jedinců
- počty vrstevnic
- zohlednění příbuzenských vztahů
- korelované vlastnosti
- korekce na vlivy prostředí (systematické)



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

$$y_i = f(F_i, G_i, e_i)$$



$$y_i = F_i + G_i + e_i$$

1. Teoretický model (nemusí být vyhodnotitelný)

$$y = f(x)$$

2. Praktický model – lineárně kombinujeme efekty ovlivňující veličinu

$$y = a + b + \dots$$

3. Proveditelný model

$$y = SRO + J + \dots \text{další efekty}$$



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

↓ přesnost stoupá	LSM	- metoda nejmenších čtverců (MNČ)
	BLUP	- nejlepší lineární nestranná předpověď (NLNP) (dokáže pracovat s náhodnými efekty, nemusí být na sobě nezávislé, ale mohou být i příbuzní jedinci)
	AM	- individuální model (IM) (zahrnuje každého jedince, využívá kompletně vzájemnou příbuznost zkoumaných zvířat)



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Nejlepší předpovědi

BLUP	<ul style="list-style-type: none"> - <i>Best Linear Unbiased Prediction</i> - nejlepší lineární nevychýlená předpověď NLNP (metoda nejmenších čtverců) - metoda odhadu nejmenších čtverců <u>náhodných nebo smíšených modelů</u>
smíšený model:	$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e}$ <p>X, Z – incidenční matice , udávající, které efekty jsou obsaženy v pozorování</p> <p>b – vektor obsahující všechny fixní efekty (fixní genetické rozdíly a systematické vlivy prostředí)</p> <p>u – vektor všech náhodných efektů (stádo, rok, sezóna); obsahuje také OPH</p> <p>e – náhodné nesystematické zbytkové efekty</p>



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Odhad PH - BLUP AM

Genetika kvantitativních znaků

BLUP - AM se provádí pomocí distribuční funkce $f(T/y)$

T – hledané veličiny (vektor)

y – naměřené užitkovosti (vektor)

parciální **derivací** fce \Rightarrow hledáme průběh a extrém funkce \Rightarrow pomocí **soustavy normálních rovnic** \Rightarrow (maticová soustava)
– **Mixed Model Equation (MME)**

$$(W'R^{-1}W + H^{-1})T = W'R^{-1}y$$

W – matice plánu experimentu, incidenční, designová (odhad PH) – rozepíše se na matice X a Z!

R – kovarianční matice reziduí (chyb v datech)

H – kovarianční matice mezi hledanými veličinami

T – hledaná veličina

- modelová rovnice (maticový zápis):

smíšený lineární model $y_{ijk} = b_i + u_j + e_{ijk}$
užitkovost = součet faktorů, které ji ovlivňují

$$u \cong PH$$

$$y = Xb + Zu + e$$

- Aditivní plemenné hodnoty jsou náhodnými efekty se známou VCV maticí.
- U vektorů u a e se předpokládá N a $E(u) = E(e) = 0$
- Vektor pozorování y má multivariátní normální rozdělení s průměrem Xb ($E(y) = Xb$) a variancí V



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

BLUE a **BLUP** jsou nejlepší, protože minimalizují výběrovou varianci; lineární v tom smyslu, že jsou lineárními funkcemi pozorovaných fenotypů y ; nevychýlené ve smyslu, že $E[BLUE(b)] = b$ a $E[BLUP(u)] = u$.

$$V = V(Zu + e) = ZGZ' + R$$

G je variančně kovarianční matice vektoru náhodných efektů $u \sim V(u)$

R je variančně kovarianční matice reziduálních chyb $\sim V(e)$

Nejsou-li otcové příbuzní pak je $G = I \sigma^2_o$ ($\sigma^2_o = \frac{1}{4} \sigma^2_A$)

Jsou-li otcové příbuzní pak $G = A \sigma^2_o$ (\sim animal model)

BLUE pro pevné efekty b :

$$\hat{b} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y$$

BLUP pro náhodné efekty u :
 \sim OPH

$$\hat{u} = GZ'V^{-1}(y - X\hat{b})$$

(Henderson, 1963)



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

• modelová rovnice (maticový zápis):

$$y = Xb + Zu + e$$

(Henderson, 1950)

• soustava normálních rovnic

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + H^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ u \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

LS

T

PS

$$\begin{aligned} LS \cdot T &= PS \\ T &= LS^{-1} \cdot PS \end{aligned}$$

y	– vektor naměřených užitek (n)	(n x 1)
X	– incidenční matice udávající plán pokusu pevných efektů X	(n x p)
Z	– incidenční matice udávající plán pokusu náhodných efektů Z	(n x q)
b	– vektor odhadů pevných efektů (odhad úrovně p)	(p x 1)
u	– vektor odhadů náhodných efektů; u ~ PH (odhad úrovně q)	(q x 1)
e	– vektor nekontrolovatelných náhodných reziduálních efektů (vektor reziduálních odchylek, u kterých se předpokládá, že jsou nezávislé na náhodných genetických efektech)	(n x 1)
H	– kovarianční matice inverzní	



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

• Když jsou rezidua nekorelována a mají stejnou, konstantní varianci pak:

$$R = I\sigma_e^2$$

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + H^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ u \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

$$R^{-1} = I/\sigma_e^2$$



BLUP

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + G^{-1}\sigma_e^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

$$K = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_u^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_A^2} = \lambda = \alpha$$

AM

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}K \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

$$K = \frac{1-h^2}{h^2} \quad K = \frac{4-h^2}{h^2}$$



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Postup řešení BLUP AM

stanovit modelovou rovnici

ujasnit si teoretický model (vezmu v úvahu všechny faktory, které by mohly podle mě působit na výslednou užitkovost)

sestavit praktický model - proveditelný (tj. vyloučíme z vlivů ty, které nejsme schopni evidovat; SRO – snaha aby období bylo co nejkratší, protože krmení se může změnit během 14 dnů)

sestavit soustavu normálních rovnic, které se řeší:

metoda nejmenších čtverců MNČ (LSM) – nejméně vhodná, protože řeší jen pevné efekty ($X'X$ a b)

body 2. a 3. závisí na konkrétním případě (každá země počítá AM trochu jinak – různé podmínky)

lepší je metoda BLUP (NLNP)

nejlepší je AM (IM)



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Př.

BLUP AM:

$$y_{ijkl} = \mu + S_i + L_j + g_k + e_{ijkl}$$

$$y = Xb + Zu + e$$

y_{ijkl}	[~ y]	- naměřená užitkovost
μ	[~ X]	- populační průměr
S_i, L_j	[~ b]	- stádo a laktace- působení chovatele na zvířata, na jejich užitkovost
g_k	[~ u]	- efekt jedince (genetický) – ten chceme určit - PH !
e_{ijkl}	[~ e]	- reziduum

jedince	stádo	laktace	užitkovost
1	1	1	4500
2*	1	1	5000
3	1	2	6500
4	2	2	8000
5*	2	1	7000

1. stádo: 5472 kg 2. stádo: 7352 kg

1. laktace: - 574,4 kg 2. laktace: + 861,6 kg

PH jedinců (krav):

1. -88 kg

2. 47 kg

3. 53 kg

4. - 53 kg

5. 62 kg

PH stádo: 44 kg mléka

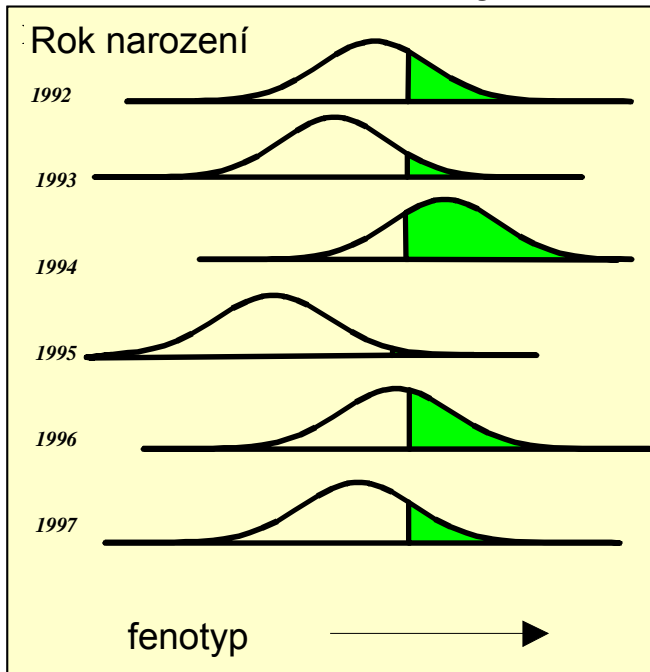
pořadí 5 → 3 → 2 → 4⁵ → 1

pořadí	kráva	OPH	užitkovost
1	5	+62	7000
2	3	+53	6500
3	2	+47	5000
4	4	-53	8000
5	1	-88	4500

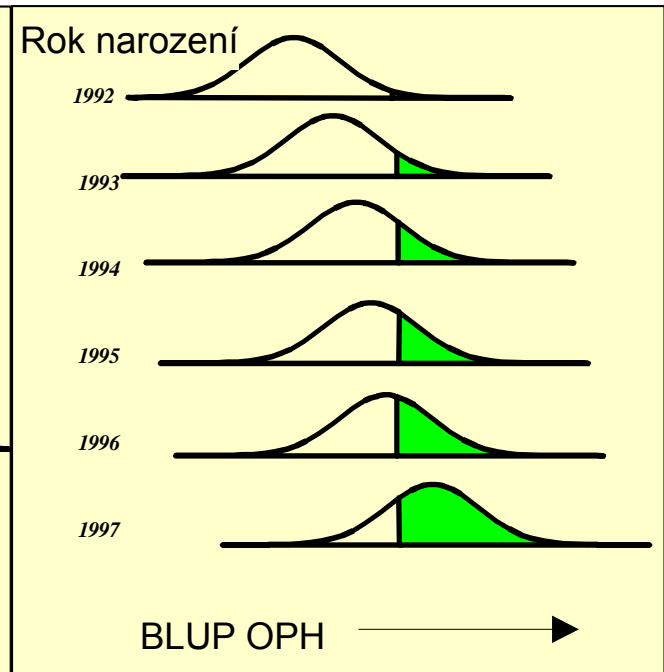
Genetika kvantitativních znaků

System genetického hodnocení pomáhá při navrhování šlechtitelských programů

Selekce na fenotyp



Selekce na OPH



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

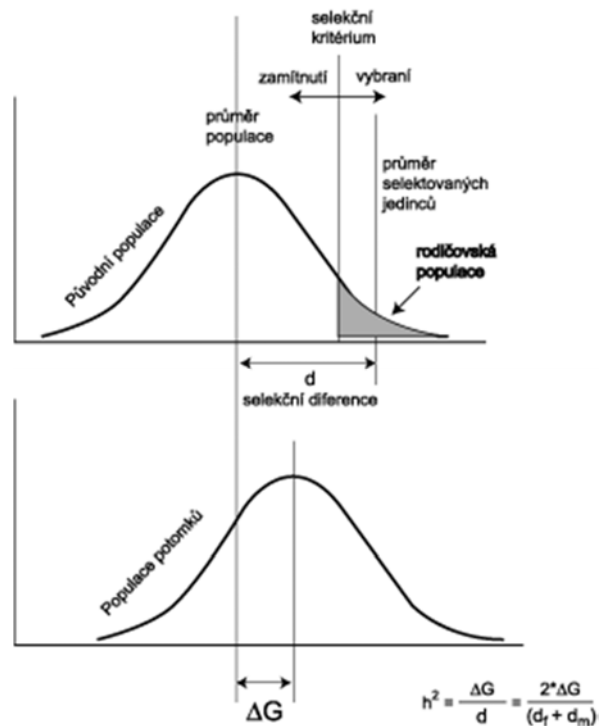
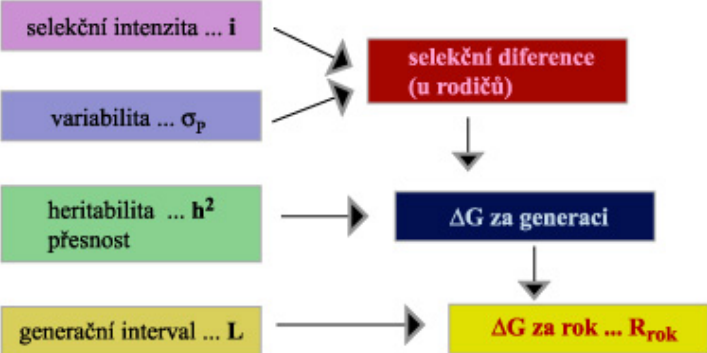
Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Principy genetického zlepšení pomocí selekce

Genetická nadřazenost vybraných rodičů

podíl vybraných jedinců

$$i_p = \frac{d}{\sigma_p}$$



$$\Delta G = i_p r_a \sigma_A$$

$$\Delta G_{rok} = \frac{i_p r_a \sigma_A}{L}$$

$$\Delta G_{rok} = \frac{i_m + i_f}{L_m + L_f} h^2 \sigma_p$$

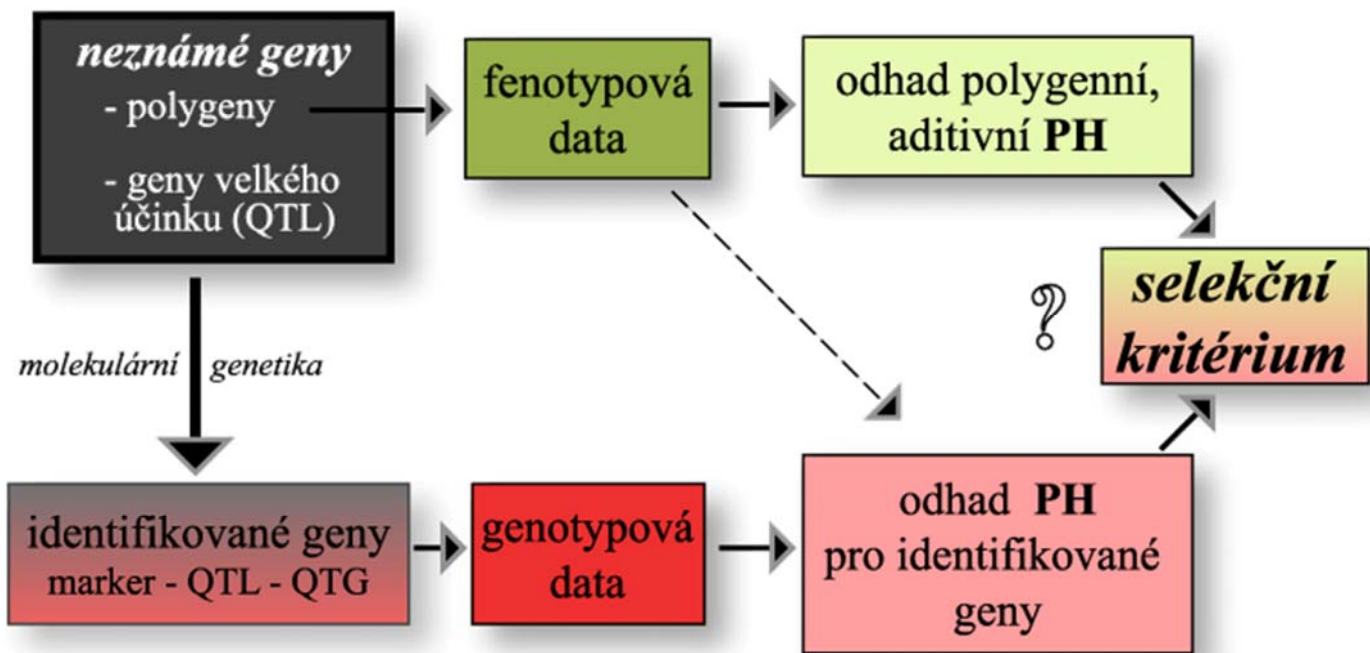


INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Kvantitativně molekulární přístup – genomická selekce

Vliv molekulární genetiky na dostupnost informací pro šlechtění



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Typy molekulárně genetických dat (z hlediska aplikace)

Kandidátní geny

Funkční markery (Funkcional marker)

Přímé markery (Direct marker)

Lokusy kvantitativních znaků, QTL

LD markery (Linkage Disequilibrium markers)

LE markery (Linkage Equilibrium markers)



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Lokusy kvantitativních znaků (QTL)

LE markery

Vypovídací schopnost pouze v populaci, ve které byly zjištěny

Vztah LE a QTL může být odlišný v jednotlivých rodinách, a generacích. Proto je nutné stanovovat vliv těchto markerů

- u jedinců vybíraných do plemenitby
- u jejich příbuzných (z důvodu odhadu efektu QTL).

Využití těchto markerů je limitováno cenou molekulárních metod.

LD markery

Jejich využití se příliš neliší od KG

Při dlouhodobějším využívání je nutné sledovat zda nedojde ke snížení vypovídací hodnoty markeru z důvodu rekombinací.

V každé populaci může být jiná vazbová fáze s QTL nebo jiný vliv na základě rozdílného genetického pozadí.

Důležité je zjistit vliv v každé populaci.



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Genetické markery

I. **typ** - kódující geny, kandidátní geny

II. **typ** - mikrosatelity (MS), krátkodobé tandemové sekvence bazí (STR_1)

III **typ** - bi-alelický jednonukleotidový polymorfismus (**SNP**) v kódujících nebo častěji v nekódujících intronových či intergenových regionech



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Molekulární genetik a šlechtění

MAS – marker assisted selection (vazba s QTL)

GAS – gene assisted selection (**QTN** – quantitative trait nucleotide – použití kandidátních genů)

Genomická selekce (**GS**) – Genomic selection (**SNP** rovnoměrně po celém genomu)

Využívání znalosti skutečné genetické variability (mutace v genech nebo v jejich blízkosti) detekovatelné metodami molekulární genetiky

Jejich aplikace ve šlechtění v systémech selekce

GS – začlenění **malice genomických SNP markerů** do rovnic BLUP-AM (různé varianty) a odhadnutí **GBV (genomická OPH)**

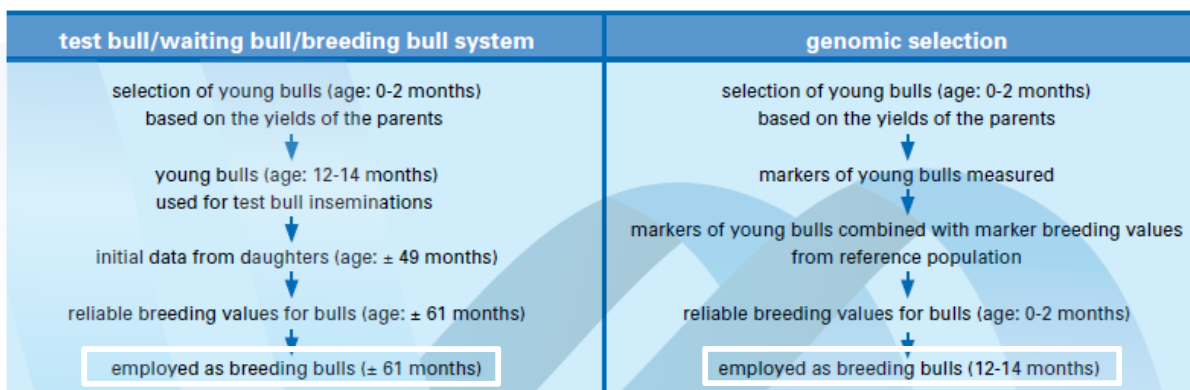
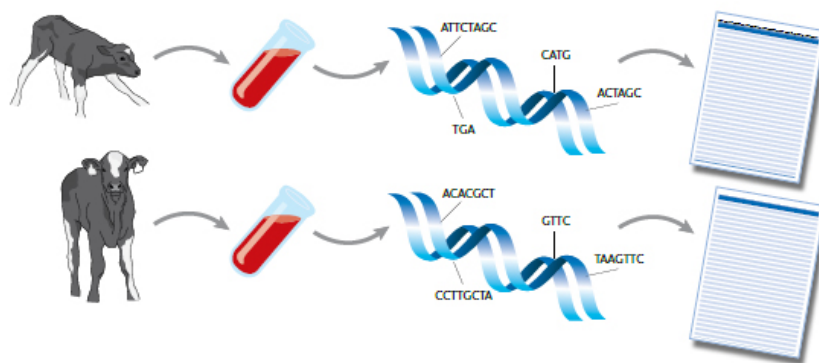
This approach permits simultaneous selection of most quantitative trait loci (QTLs) determining the selected trait

GS makes it possible to save 92% of the funds spent on traditional selection and is twice as efficient as the latte.



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky



ĚLÁVÁNÍ



Tomas Urban - MENDELU



06/05/2013



Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Náklady na sekvenování 1 Mb DNA

2001:	5,292.39 \$
2003:	2,230.98 \$
2005:	766.73 \$
2007:	397.09 \$
2009:	0.78 \$
2011:	0.19 \$

Zdroj: NHGRI



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

PorcineSNP60 Genotyping BeadChip

More than 62,000 SNPs that deliver the densest coverage available for the porcine genome

Figure 1: PorcineSNP60 BeadChip



The PorcineSNP60 BeadChip features more than 62,000 evenly spaced SNPs across the entire porcine genome.

The PorcineSNP60 BeadChip (Figure 1) is the most comprehensive genome-wide genotyping array for the porcine genome, providing superior power to interrogate genetic variation across many porcine breeds, including Duroc, Landrace, Pietran, and Large White. The PorcineSNP60 BeadChip was developed in collaboration with the International Porcine SNP Chip Consortium, comprising porcine researchers from Wageningen University, Danish Institute of Agricultural Science, USDA-ARS, USMARC, Roslin Institute, University of Illinois, Iowa State University, INRA, University of Missouri, and Cambridge University.



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

$$\mathbf{y} = \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{Q}\mathbf{q} + \mathbf{e}$$

-> MA-BLUP -> MEBV

\mathbf{u} – vektor polygenních efektů

\mathbf{q} – vektor QTL efektů



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky