rough draft version

Genetika kvantitativních znaků

Příklady k řešení

1. ročník navazujícího Mgr. oboru Živočišné biotechnologie

3 Praktické příklady odhadů genetických parametrů kvantitativních vlastností 38
3.1 Výpočty odhadu koeficientu dědivosti..... 38
3.2 Výpočet odhadu koeficientu opakovatelnosti..... 53
3.3 Příklady výpočtu odhadu genetických korelací..... 56

Pozn.: Zde naleznete základní typy příkladů, které jsou k řešení (správnost si můžete ověřit podle výsledku výpočtu ze statistického programu SAS, popř. je výsledek uveden). Výsledky konzultujte mezi sebou – nejlepší kontrola!

- stupně volnosti jsou označeny písmenem ***f*** (popř. ***df***, pokud se jedná o výstup z programu SAS)

Doc. Ing. Tomáš Urban, Ph.D

Pracoviště genetiky ÚMFGZ AF MENDELU

http://user.mendelu.cz/urban/

3 Praktické příklady odhadů genetických parametrů kvantitativních vlastností

3.1 Výpočty odhadu koeficientu dědivosti

Kategorie metod:

I. regrese potomek – rodič: $\hat{h}^2 = 2.b_{p.r}$

II. regrese potomek - střední hodnota rodičů: $\hat{h}^2 = b_{p.\bar{x}r}$

III. analýza variance příbuzných jedinců s výpočtem korelace polosourozenců či úplných sourozenců

IV. neparametrické metody

V. realizovaný koeficient dědivosti $\hat{h}^2 = \Delta G / d$

3.1.1 Výpočet odhadu koeficientu dědivosti pomocí **prosté regrese potomek – rodič** lze využít v případě, když otci byli pářeni s několika matkami a každá z matek měla jednoho potomka. Předpokládáme, že populace není inbrední a je náhodně pářena.

Model statistický: $\mathbf{Z_i = \beta X_i + e_i}$

Z_i – střední hodnota potomka i-tého otce
β - regrese Z na X
X_i – pozorovaná hodnota u i-tého otce
e_i – náhodná chyba spojená s Z_i

Model genetický: $cov_{xz} = ½\ V_A + ¼\ V_{AA} + 1/8\ V_{AAA}$

a) Ve velké neinbrední populaci slepic byla zjišťována ve věku osmi týdnů živá hmotnost kohoutů s přesností na jeden gram. V pohlavní dospělosti bylo 17 kohoutků náhodně pářeno se slepicemi a u jejich potomků samčího pohlaví byla opět zjišťována živá hmotnost ve stejném věku. Zjišťovaný genetický parametr, koeficient dědivosti, se bude vztahovat na populaci otců. Živé hmotnosti otců a jejich potomků jsou v následující tabulce:

n	x_i	z_i	x_i^2	z_i^2	$x_i . z_i$
1	601	910	361201	828100	546910
2	733	983	537289	966289	720539
3	793	976	628849	952576	773968
4	795	1050	632025	1102500	834750
5	818	1080	669124	1166400	883440
6	838	1040	702244	1081600	871520
7	854	1040	729316	1081600	888160
8	880	1025	774400	1050625	902000
9	882	994	777924	988036	876708
10	895	1030	801025	1060900	921850
11	952	1021	906304	1042441	971992
12	953	1078	908209	1162084	1027334
13	961	964	923521	929296	926404
14	979	976	958441	952576	955504
15	995	1110	990025	1232100	1104450
16	997	1041	994009	1083681	1037877
17	1040	1035	1081600	1071225	1076400
$\sum_i$	14966	17353	13375506	17752029	15319806

- var_x je variance nezávisle proměnné (u otců)

Výpočet vstupních hodnot regresního stavu:

$$SS_{xz} = \sum_i x_i.z_i - \frac{X_\bullet .Z_\bullet}{n} = \qquad =$$

$$SS_x = \sum_i x_i^2 - \frac{X_\bullet^2}{n} = \qquad =$$

$$SS_z = \sum_i z_i^2 - \frac{Z_\bullet^2}{n} = \qquad =$$

$$b_{zx} = \frac{\sum_i x_i.z_i - \frac{X_\bullet .Z_\bullet}{n}}{\sum_i x_i^2 - \frac{X_\bullet^2}{n}} = \qquad =$$

$$h^2 = 2.b_{zx} = \qquad =$$

Střední chyba:

$$s^2_{b\,zx} = \frac{SS_z - \frac{(SS_{xz})^2}{SS_x}}{(n-2)} = \qquad =$$

$$se_{b\,zx} = \sqrt{\frac{s^2_{b\,zx}}{SS_x}} = \sqrt{\frac{SS_z - \frac{(SS_{xz})^2}{SS_x}}{SS_x.(n-2)}} = \qquad =$$

$$se_{h^2} = 2.se_{b_{zx}} = \qquad =$$

$$h^2 \pm se_{h^2} = \qquad \pm$$

Zjištěný odhad koeficientu dědivosti živé hmotnosti kohoutků ve věku osmi týdnů za pomoci prosté regrese otec – syn byl svou hodnotou …… A jeho střední chyba byla …… v důsledku sledování …… otec – syn.

Následuje výsledek této regresní analýzy (variance a kovariance), který byl získán v programu SAS.

The REG Procedure
Dependent Variable: y
Analysis of Variance

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	1	9256.15665	9256.15665	4.72	0.0463
Error	15	29443	1962.86015		
Corrected Total	16	38699			

Root MSE	44.30418	R-Square	0.2392
Dependent Mean	1020.76471	Adj R-Sq	0.1885
Coeff Var	4.34029		

Parameter Estimates

Variable	DF	Parameter Estimate	Standard Error	t Value	Pr > |t|
Intercept	1	831.44274	87.84239	9.47	<.0001
x	1	**0.21505**	0.09903	2.17	0.0463

---

b) U některých druhů hospodářských zvířat může být otec připařován na několik matek a každá matka může mít několik potomků. Vliv otců může být odstraněn na základě výpočtu **regrese potomků na matku uvnitř otců** podle modelu:

Model: $Z_{ij} - \alpha_i = \mu + \beta(X_{ij} - x..) + e_i$

Z_{ij} – střední hodnota potomků z páření i-tého otce a j-té matky
α_i – vliv i-tého otce
μ - obecný střed populace
β - regrese Z na X
X_{ij} – pozorovaná hodnota j-té matky pářené s i-tým otcem
x..- fenotypový průměr
e_i – náhodná chyba spojená s z_{ij} (odchylka od z_{ij})

Tabulka analýzy variance a kovariance:

Zdroj proměnlivosti	Součet čtverců odchylek		Stupeň volnosti	Průměrný čtverec		Součet produktů xz	Střední produkt xz
	SS_x	SS_z	f	MS_x	MS_z	SP	MP
Mezi otci	SS_{sx}	SS_{sz}	$f_s = s-1$	*tato data nejsou třeba k výpočtům*			
Mezi matkami uvnitř otců	SS_{dx}	SS_{dz}	$f_d = d - s$	MS_{dx}	MS_{dz}	SP_{dxz}	MP_{dxz}
Celková	SS_{cx}	SS_{cz}	$f_c = d - 1$	-	-		

s – počet otců (sire), d – počet matek (dam), S – součet čtverců, MS – střední čtverec, SP – součet produktů, MP – střední produkt

$$\mathrm{cov}_{d_{ZX}} = \frac{SP_{d_{ZX}}}{f_d} = MP_{d_{ZX}}$$

Odhad dvojnásobku genetické kovariance podle matek a dcer uvnitř otců:

$$2\,\mathrm{cov}_{d_{ZX}} = V_A + \tfrac{1}{2} V_{AA} + \tfrac{1}{4} V_{AAA} + V_M \text{ (maternální efekty)} + \text{efekty vázané na pohlaví}$$

Odhad regrese a dědivosti mezi matkami a dcerami uvnitř otců:

$$b_{zx} = \frac{\mathrm{cov}_{d_{ZX}}}{\mathrm{var}_{d_X}} = \frac{MP_{d_{ZX}}}{\sigma^2_{d_X}} = \frac{\frac{SP_{d_{ZX}}}{d-s}}{\frac{S_{d_{ZX}}}{d-s}} = \frac{SP_{d_{ZX}}}{S_{d_X}}$$

$$h^2 = 2.b_{zx}$$

Odhad střední chyby koeficientu regrese a dědivosti:

$$s^2_{b_{ZX}} = \frac{S_{d_Z} - \frac{(SP_{d_{ZX}})^2}{S_{d_X}}}{d - s - 1} \qquad \Rightarrow \qquad se_{b_{ZX}} = \sqrt{\frac{s^2_{b_{ZX}}}{s_{d_X}}}$$

a $\quad se_{h^2} = 2.se_{b_{ZX}}$

$$h^2 \pm se_{h^2}$$

Př. Šest kohoutů bylo připařováno k různému počtu matek a v osmi týdnech byla sledována živá hmotnost u potomků – slepiček. Hmotnost matek v osmi týdnech věku a průměrná hmotnost slepiček jsou uvedeny v tabulce. Jaké jsou genetické variance, kovariance a koeficient dědivosti, které se vztahují k populaci, ze které byly vybrány matky.

Otcové	Matky x_{ij}	Potomci z_{ij}	$\sum x_i$	$\sum z_i$	n_i	x_{ij}^2	z_{ij}^2	$x_{ij} . z_{ij}$
1	754	808				568516	652864	609232
1	648	700	2283	2228	3	419904	490000	453600
1	881	720				776161	518400	634320
2	740	725				547600	525625	536500
2	712	840	2264	2365	3	506944	705600	598080
2	812	800				659344	640000	649600
3	765	780	1572	1620	2	585225	608400	596700
3	807	840				651249	705600	677880
4	969	850				938961	722500	823650
4	849	802	2550	2482	3	720801	643204	680898
4	732	830				535824	688900	607560
5	740	806	1481	1641	2	547600	649636	596440
5	741	835				549081	697225	618735
6	831	830				690561	688900	689730
6	639	800	2203	2134	3	408321	640000	511200
6	733	504				537289	254016	369432
Σ	12353	12470			16	**9643381**	**9830870**	**9653557**

Analýza variance pro záznamy matek (výpočet součtu čtverců odchylek pro vlastnost X):

Mezi otci $SS_{s_X} = \sum_i \frac{X_{i\bullet}^2}{n_i} - \frac{X_{\bullet\bullet}^2}{n} =$

= 9 563 436 - =

Mezi matkami uvnitř otců $SS_{d_X} = \sum_i \sum_j x_{ij}^2 - \sum_i \frac{X_{i\bullet}^2}{n_i} =$

= **-** =

Analýza variance pro záznamy dcer (výpočet součtu čtverců odchylek pro vlastnost Z):

Mezi otci $SS_{s_Z} = \sum_i \frac{Z_{i\bullet}^2}{n_i} - \frac{Z_{\bullet\bullet}^2}{n} =$

= **-** =

Mezi matkami uvnitř otců $SS_{d_Z} = \sum_i \sum_j z_{ij}^2 - \sum_i \frac{Z_{i\bullet}^2}{n_i} =$

= **-** =

Analýza kovariance (výpočet součtu produktů (součinů) vlastností X a Z):

Mezi otci $SP_{s_{ZX}} = \sum_i \frac{X_{i\bullet} . Z_{i\bullet}}{n_i} - \text{korekční koeficient} =$

= 9 645 542,50 - korek. koef. = není třeba dopočítat[1]

Mezi matkam uvnitř otců $SP_{d_{ZX}} = \sum_i \sum_j x_{ij} . z_{ij} - \sum_i \frac{X_{i\bullet} . Z_{i\bullet}}{n_i} =$

= **-** =

[1] Tato hodnota není třeba pro další výpočty!

Výpočet odhadu kovariance mezi matkami a dcerami uvnitř otců:

$$\text{cov}_{d_{ZX}} = \text{MP}_{d_{ZX}} = \frac{\text{SP}_{d_{ZX}}}{d-s} = \qquad =$$

$$2\,\text{cov}_{d_{ZX}} = \qquad =$$

Výpočet odhadu koeficientu dědivosti na základě regresního koeficientu mezi matkami a dcerami uvnitř otců:

$$b_{zx} = \frac{\text{SP}_{d_{ZX}}}{\text{SS}_{d_X}} = \qquad =$$

$$h^2 = 2.b_{zx} = \qquad =$$

Střední chyba koeficientu dědivosti:

$$s^2_{b_{ZX}} = \frac{\text{SS}_{d_Z} - \frac{(\text{SP}_{d_{ZX}})^2}{\text{SS}_{d_X}}}{d-s-1} = \qquad =$$

$$\Rightarrow \quad \text{se}_{b_{ZX}} = \sqrt{\frac{s^2_{b_{ZX}}}{\text{ss}_{d_X}}} = \qquad =$$

$$\text{se}_{h^2} = 2.\text{se}_{b_{ZX}} = \qquad =$$

Hodnocení: $h^2 \pm \text{se}_{h^2}$ $\pm$

Zjištěný odhad koeficientu dědivosti na základě regresního koeficientu mezi matkami a dcerami uvnitř otců byl svou hodnotou …….. jeho střední chyba byla …… v důsledku sledování ……..

Následuje výsledek této analýzy variance a kovariance, který byl získán v programu SAS.

The GLM Procedure
Dependent Variable: P

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	6	31134.0501	5189.0083	0.58	0.7409
Error	9	80929.6999	8992.1889		
Corrected Total	15	112063.7500			

R-Square	Coeff Var	Root MSE	P Mean
0.277824	12.16708	94.82715	779.3750

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
O	5	30330.58333	6066.11667	0.67	0.6534
M	1	803.46673	803.46673	0.09	0.7718

Parameter		Estimate		Standard Error	t Value	Pr > |t|
Intercept		637.7152160	B	252.2943565	2.53	0.0324
O	1	28.6599564	B	77.9408706	0.37	0.7216
O	2	74.9615501	B	77.7257832	0.96	0.3600
O	3	93.4869989	B	88.2822372	1.06	0.3172
O	4	104.4042276	B	86.6005504	1.21	0.2587
O	5	108.5484483	B	86.5896538	1.25	0.2416
O	6	0.0000000	B	.	.	.
M		0.1002516		0.3353824	0.30	0.7718

P – užitkovost potomků; M – užitkovost matek; O - otcové

3.1.2 Výpočet odhadu koeficientu dědivosti pomocí **analýzy variance** užitkových hodnot u příbuzných jedinců.

a) Analýza variance skupin polosourozenců

V jednom chovu byl sledován přírůstek živé hmotnosti u býčků – polosourozenců ze strany otce, ve věku tří měsíců. Náhodně bylo z této neinbrední populace vybráno 40 polosourozenců, po pěti otcích (vybalancovaný design pokusu). Zjistěte pomocí analýzy variance skupin polosourozenců odhad koeficientu dědivosti a jeho střední chybu.

n	O_1	O_2	O_3	O_4	O_5
1	717	732	603	648	690
2	704	694	731	669	650
3	753	691	737	693	788
4	700	631	678	718	678
5	675	683	747	606	611
6	793	592	763	669	674
7	691	680	687	657	658
8	687	618	618	600	717
Σ	5720	5321	5564	5260	5466

Statistický model jednofaktorové analýzy variance:

$$\mathbf{y_{ij} = \mu + a_i + e_{ij}}$$

y_{ij} – užitkovost j-tého potomka po i-tém otci
μ – obecný průměr populace
a_i – vliv i-tého otce
e_{ij} – ostatní nahodilé vlivy

skupina	$Y_{i.}$	Y_i^2	Y_i^2/n_i	$\sum y_{ij}^2$
1	5720	32718400	4089800,00	4100638
2	5321	28313041	3539130,13	3554379
3	5564	30958096	3869762,00	3894894
4	5260	27667600	3458450,00	3469684
5	5466	29877156	3734644,50	3753878
$Y_{..}$	= 27331		18691786,63	**18773473**
$Y_{..}^2$	= 746983561		$\sum Y_i^2/n_i$	$\sum\sum y_{ij}^2$
			p =	5
			n =	40
			$n_i = n_0$ =	8

Výpočet součtu čtverců odchylek od průměru:

- mezi otci

$$SS_a = \sum_{i=1}^{p} \frac{Y_{i\bullet}^2}{n_i} - \frac{Y_{\bullet\bullet}^2}{n} = \quad = 17197{,}3$$

- uvnitř skupin podle otců (reziduální)

$$SS_e = \sum_{i=1}^{p}\sum_{j=1}^{m_j} y_{ij}^2 - \sum_{i=1}^{p} \frac{Y_{i\bullet}^2}{n_i} = \quad = 81386{,}37$$

- pro celý pokus

$$SS_c = \sum_{i=1}^{p}\sum_{j=1}^{m_j} y_{ij}^2 - \frac{Y_{\bullet\bullet}^2}{n} = \quad = 98883{,}975$$

Tabulka analýzy variance:

Proměnlivost		SS	F	MS	složení MS
Mezi skupinami	(a)	17197,3	p – 1	4299,4	$=\sigma_e^2 + n_0\sigma_g^2$
Uvnitř skupin	(e)	81386,37	n – p	2333,8	$= \sigma_e^2$
Celková	(c)	98883,975	n – 1		

Výsledek analýzy variance z programu SAS.

The GLM Procedure

Dependent Variable: potomek

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	17197.60000	4299.40000	1.84	0.1428
Error	35	81686.37500	2333.89643		
Corrected Total	39	98883.97500			

Výpočet odhadu variance genetické podle otců:

$$MS_a = \sigma_e^2 + n_0\sigma_g^2 = MS_e + n_0\sigma_g^2$$

$$\sigma_g^2 = \frac{MS_a - MS_e}{n_0} = \qquad = 245,7$$

$$\sigma_P^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2 = \qquad = 2579,58$$

$$\rho = r_i = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2} = \qquad = 0,095$$

$$h^2 = 4\rho = 4\frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2} = 4\frac{\sigma_g^2}{\sigma_P^2} = \qquad = \mathbf{0,38}$$

Výpočet **střední chyby** odhadu koeficientu dědivosti:

a) jako čtyřnásobek střední chyby intraklasního korelačního koeficientu (při stejném počtu pozorování ve skupinách):

$$se_{h^2} = 4.s_\rho = 4.\sqrt{\frac{2.(1-\rho)^2\left(1+(n_0-1)\rho\right)^2}{n_0(n_0-1)(p-1)}} = \qquad =$$

b) na základě jeho velikosti váženém počtu jedinců ve skupině polosourozenců a počtu skupin polosourozenců:

$$se_{h^2} = \left(h^2 + \frac{4}{n_0}\right).\sqrt{\frac{2}{p}} = \qquad =$$

$$h^2 \pm se_{h^2} = \mathbf{0,38 \pm 0,56}$$

Odhad koeficientu dědivosti na základě výpočtu analýzy variance polosourozenců byl svou hodnotou ……. a jeho střední chyba byla ……. Tento příklad je nereprezentativní z důvodu nízkého počtu sledování polosourozenců. Vypočítaný odhad koeficientu dědivosti je nepoužitelný pro svou vysokou střední chybu odhadu.

b) Analýza variance skupin vlastních sourozenců a polosourozenců

Metoda analýzy variance skupin vlastních sourozenců a polosourozenců umožňuje simultánní výpočet odhadu koeficientu dědivosti, protože lze nezávisle na sobě odhadnout ze stejného sledování koeficienty dědivosti mezi polosourozenci ze strany otce nebo matky, a úplnými sourozenci na základě obou rodičů:

$$h^2_O \qquad h^2_M \qquad h^2_{O+M}$$

Byl sledován snáškový test nosnic v určitém chovu

Otec	Matka	Užitkovost potomků	$Y_{i\bullet}$	n_{ij}
1	1	78, 55, 50, 79, 46, 91, 54, 79, 63, 47	642	10
	2	55, 66, 53, 75, 73, 63, 71, 61	517	8
	3	62, 81, 45, 60, 72, 63, 53	436	7
	4	69, 89, 58, 90, 65, 73, 95	539	7
	5	78, 76, 81, 80, 82, 49, 85, 91, 64	686	9
			$Y_{i\bullet\bullet} = 2820$	$n_i = 41$
2				
3				
.				
.				
5.	21	72, 68, 88, 51, 47, 52, 71, 87	536	8
	22	95, 56, 73, 76, 91, 53, 91	535	7
	23	75, 92, 58, 50, 52, 87, 88, 69, 51	622	9
	24	87, 77, 66, 93, 56, 84, 94, 97	654	8
	25	75, 47, 77, 63, 62, 78, 85	487	7
	26	66, 52, 64, 66, 64, 92, 74, 63, 58, 84	683	10
			$Y_{i\bullet\bullet} = 3517$	$n_i = 49$
		$Y_{\bullet\bullet\bullet} = 15\,904$ $\quad \sum\sum\sum y^2_{ijk} = 1\,216\,770$		$n = 218$

počet otců: $p = 5$
počet matek: $m = 26$
počet potomků: $n = 218$

Model dvoufaktorové hierarchické analýzy variance:

$$\mathbf{y_{ij} = \mu + a_i + b_{ij} + e_{ij}}$$

y_{ij} – užitkovost j-tého potomka po i-tém otce
μ – obecný průměr populace
a_i – vliv i-tého otce
b_{ij} – vliv j-té matky pod i-tým otcem
e_{ij} – ostatní nahodilé vlivy

Výpočet mezihodnot:

$$\sum\sum \frac{Y^2_{ij\cdot}}{n_{ij}} = \qquad = 1\,175\,398{,}79$$

$$\sum \frac{Y^2_{i\cdot\cdot}}{n_i} = \qquad = 1\,165\,967{,}12$$

$$\frac{Y^2_{\cdot\cdot\cdot}}{n} = \qquad = 1\,160\,262{,}46$$

Výpočet součtu čtverců odchylek od průměru:

- mezi skupinami otců

$$SS_a = \sum_{i=1}^{p} \frac{Y_{i\bullet\bullet}^2}{n_i} - \frac{Y_{\bullet\bullet\bullet}^2}{n} = \qquad =$$

- mezi skupinami matek uvnitř otců

$$SS_b = \sum_{i=1}^{p}\sum_{j=1}^{m_j} \frac{Y_{ij\bullet}^2}{n_{ij}} - \sum_{i=1}^{p} \frac{Y_{i\bullet\bullet}^2}{n_i} = \qquad =$$

- reziduální (mezi sourozenci uvnitř rodin)

$$SS_e = \sum_{i=1}^{p}\sum_{j=1}^{m_j}\sum_{k=1}^{n_{ij}} y_{ijk}^2 - \sum_{i=1}^{p}\sum_{j=1}^{m_j} \frac{Y_{ij\bullet}^2}{n_{ij}} = \qquad =$$

- pro celý pokus

$$SS_c = \sum_{i=1}^{p}\sum_{j=1}^{m_j}\sum_{k=1}^{n_{ij}} y_{ijk}^2 - \frac{Y_{\bullet\bullet\bullet}^2}{n} = \qquad =$$

Tabulka analýzy variance:

Zdroj proměnlivosti	Součet čtverců odchylek (SS)	Stupeň volnosti (f)	Průměrný čtverec (MS)	Složení MS^2
- mezi otci	$SS_a =$	$f_a = k - 1 =$	$MS_a =$	$\sigma_e^2 + (m_2\sigma_{g_M}^2) + (n_3 + \sigma_{g_O}^2)$
- mezi matkami uvnitř otců	$SS_b =$	$f_e = p - k =$	$MS_b =$	$\sigma_e^2 + (n_1\sigma_{g_M}^2)$
- mezi potomky uvnitř skupin podle matek	$SS_e =$	$f_e = n - p =$	$MS_e =$	σ_e^2
- celková	$SS_c =$	$f_c = n - 1 =$		

– průměrný počet potomků pro matku: $n_1 = 218/26 = 8{,}38$
– průměrný počet matek pro otce: $m_2 = 26/5 = 5{,}20$
– průměrný počet potomků pro otce: $n_3 = 218/5 = 43{,}60$

Výsledek analýzy variance z programu SAS.

The GLM Procedure

Dependent Variable: y

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	25	15136.32859	605.45314	2.81	<.0001
Error	192	41371.21270	215.47507		
Corrected Total	217	56507.54128			

R-Square	Coeff Var	Root MSE	y Mean
0.267864	20.12096	14.67907	72.95413

Source	DF	Type IV SS	Mean Square	F Value	Pr > F
otec	4	4903.082747	1225.770687	5.69	0.0002
matka(otec)	21	9431.669144	449.127102	2.08	0.0051

[2] n_1 – vážený počet potomků na jednu matku
m_2 - vážený počet matek na jednoho otce
n_3 - vážený počet potomků na jednoho otce

Výpočet odhadu komponent variance:

a) genetická variance podle matek

$$\sigma^2_{g_M} = \frac{MS_b - MS_e}{n_1} =$$ =

b) genetická variance podle otců

$$\sigma^2_{g_O} = \frac{MS_a - MS_e - m_2\sigma^2_{g_M}}{n_3} =$$ =

Když $n_1 = m_2$, pak $\sigma^2_{g_O} = \frac{MS_a - MS_b}{n_3}$

c) variance prostředí $\sigma^2_e = MS_e$

d) fenotypová variance: $\sigma^2_P = \sigma^2_{g_O} + \sigma^2_{g_M} + \sigma^2_e =$ =

Výpočet odhadu koeficientů dědivosti:

a) podle otců

$$h^2_O = 4\rho_O = 4\frac{\sigma^2_{g_O}}{\sigma^2_{g_O} + \sigma^2_e} = 4\frac{\sigma^2_{g_O}}{\sigma^2_P} =$$ =

Střední chyba koeficientu dědivosti:

$$se_{h^2_O} = \left(h^2_O + \frac{4}{n_3}\right)\sqrt{\frac{2}{p}} =$$ =

b) podle matek

$$h^2_M = 4\rho_M = 4\frac{\sigma^2_{g_M}}{\sigma^2_{g_M} + \sigma^2_e} = 4\frac{\sigma^2_{g_M}}{\sigma^2_P} =$$ =

Střední chyba koeficientu dědivosti:

$$se_{h^2_M} = \left(h^2_M + \frac{4}{n_1}\right)\sqrt{\frac{2}{m}} =$$ =

c) podle matek i otců

$$h^2_{O+M} = 2\rho_{O+M} = 2\frac{\sigma^2_{g_O} + \sigma^2_{g_M}}{\sigma^2_{g_O} + \sigma^2_{g_M} + \sigma^2_e} = 2\frac{\sigma^2_{g_O} + \sigma^2_{g_M}}{\sigma^2_P} =$$ =

Střední chyba koeficientu dědivosti:

$$se_{h^2_{O+M}} = 4\sqrt{h^2_{O+M}}\sqrt{\frac{1}{n}} =$$ =

$h^2_O \pm se_{h^2_O} =$

$h^2_M \pm se_{h^2_M} =$

$h^2_{O+M} \pm se_{h^2_{O+M}} =$

Zjištěné odhady koeficientů dědivosti na základě analýzy variance skupin úplných sourozenců a polosourozenců byly svými hodnotami …… a jejich střední chyby byly ……
v důsledku sledování ……..

3.1.3 Vypočtěte hodnoty odhadů koeficientu dědivosti na základě zjištěných korelací a regresí, za předpokladu, že podobnost v důsledku vlivu prostředí nebo dominance bude nepatrná!

Vztah mezi příbuznými jedinci	Hodnota regrese nebo korelace	násobeno	h^2
1. regrese potomka na otce	0,21		
2. regrese potomka na matku	0,27		
3. korelace úplných sourozenců	0,34		
4. regrese potomka na střední hodnotu obou rodičů	0,32		
5. korelace polosourozenců	0,02		
6. regrese dcer na sestru matky	0,03		
7. regrese dcer na matky uvnitř otců	0,09		

3.1.4 Jako třetí kategorie metod výpočtu odhadu koeficientu dědivosti se používají **neparametrické metody** na základě příbuznosti jedinců.

a) Použití **pořadového korelačního koeficientu** podle Spearmana u matek a dcer. Sledujeme obsah tuku v procentech v mléce matek a jejich dcer na prvních laktacích. Určete pořadí dcer jednotlivých matek jednotlivých matek podle jejich výše užitkovosti, zjistěte rozdíl v pořadí matek a dcer a vypočtěte hodnotu součtu čtverců těchto diferencí.

matky		dcery			
% tuku	pořadí	% tuku	pořadí	rozdíl v pořadí (d_i)	d_i^2
4,6	1	4,4			
4,5	2	4,0			
4,4	3	3,6			
4,3	4	3,9			
4,2	5	4,6			
4,1	6	4,3			
4,0	7	4,5			
3,9	8	4,2			
3,8	9	3,5			
3,7	10	4,1			
3,6	11	3,7			
3,5	12	3,8			
					$\sum_{i=1}^{n} d_i^2 =$

Opakuje-li se některá naměřená hodnota u matek a dcer vícekrát, přiřadíme všem stejné pořadové číslo, tj. jejich průměrné pořadí.

Na základě zjištěných hodnot v tabulce vypočítejte pořadový koeficient korelace (R) a určete odhad koeficientu dědivosti. Zjistěte, zda vypočítaný pořadový korelační koeficient je průkazný nebo neprůkazný.

Výpočet pořadového korelačního koeficientu:

$$R = 1 - \frac{6\sum_{i=1}^{n} d_i^2}{n(n^2-1)} = 1 - A_R \sum_{i=1}^{n} d_i^2 = \quad =$$

Hodnota $A_R = \frac{6}{n(n^2-1)}$ pro n = 12 je A_R =

Zjištění průkaznosti vypočteného koeficientu pořadové korelace t-testem:

$$t = \frac{R}{\sqrt{1-R^2}}\sqrt{n-2} = \quad =$$

Tabulkové hodnoty: $t_{(10;\,0,05)} = 0,576$ $t_{(10;\,0,01)} = 0,708$

Výpočet odhadu koeficientu dědivosti: $h^2 = R^2$ = =

Vypočtený odhad koeficientu dědivosti na základě koeficientu pořadové korelace byl svou hodnotou nízký a podle vypočítaného t-testu byl vysoce průkazný. Takto zjištěný koeficient dědivosti je vlastně pravděpodobností, že pořadí dcery bude odpovídat pořadí její matky.

b) Výpočet odhadu koeficientu dědivosti na základě zjištění **průměrného pořadí matka – dcera**. Vhodné využití u vlastností, které se nedají přesně číselně vyjádřit nebo při sledování málo početného souboru. Užitkovost matek se seřadí podle pořadí od nejvyšší hodnoty užitkovosti do nejnižší a podobně se provede určení pořadí u jejich dcer. Na základě stanovení pořadí u matek přiřadíme ke každé matce pořadí její dcery. Soubor se rozdělí na polovinu a vypočítáme průměrné pořadí dcer lepších a horších matek a průměrné pořadí lepších a horších matek.

pořadí	lepší matky									horší matky								
matek	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
dcer	4	3	1	9	2	16	18	15	5	14	12	6	10	7	8	11	13	17

Výpočet průměrného pořadí:

- dcer lepších matek: $\bar{r}_+$ = =
- dcer horších matek: $\bar{r}_-$ = =
- lepších matek: $\overline{R}_+$ = =
- horších matek: $\overline{R}_-$ = =

Výpočet odhadu koeficientu dědivosti podle:

- průměrného pořadí dcer a matek: $h^2 = 2\frac{\bar{r}_- - \bar{r}_+}{\overline{R}_- - \overline{R}_+}$ = =

- průměrného pořadí dcer: $h^2 = 2\frac{2(\bar{r}_- - \bar{r}_+)}{n}$ = =

Vypočtený odhad koeficientu dědivosti na základě průměrného pořadí dcer a matek byl svou hodnotou vysoký.

c) Vypočtěte odhad koeficientu dědivosti projevu chování dojnic na pastvě u matek a dcer, které bylo hodnoceno bodovým systémem v rozsahu od 6 do 1 bodu. Pro výpočet odhadu použijte koeficient pořadové korelace a ověřte jeho průkaznost pomocí t-testu.

- projev chování matek na pastvě byl hodnocen body:

6 5 5 4 4 4 4 3 3 3 3 3 2 2 2 2 1 1

- projev chování dcer byl hodnocen body:

4 6 6 2 2 4 1 2 2 5 5 4 2 1 1 3 2 2

Výpočet pořadového korelačního koeficientu:

$$R = 1 - \frac{6\sum_{i=1}^{n} d_i^2}{n(n^2-1)} = 1 - A_R \sum_{i=1}^{n} d_i^2 = \qquad =$$

Hodnota $A_R = \frac{6}{n(n^2-1)}$ pro n = 12 je $A_R =$.

Zjištění průkaznosti vypočteného koeficientu pořadové korelace t-testem:

$$t = \frac{R}{\sqrt{1-R^2}}\sqrt{n-2} = \qquad =$$

Tabulkové hodnoty: $t_{(16;\,0,05)} = 0{,}468$; $t_{(16;\,0,01)} = 0{,}590$

Výpočet odhadu koeficientu dědivosti: $h^2 = R^2 =$ =

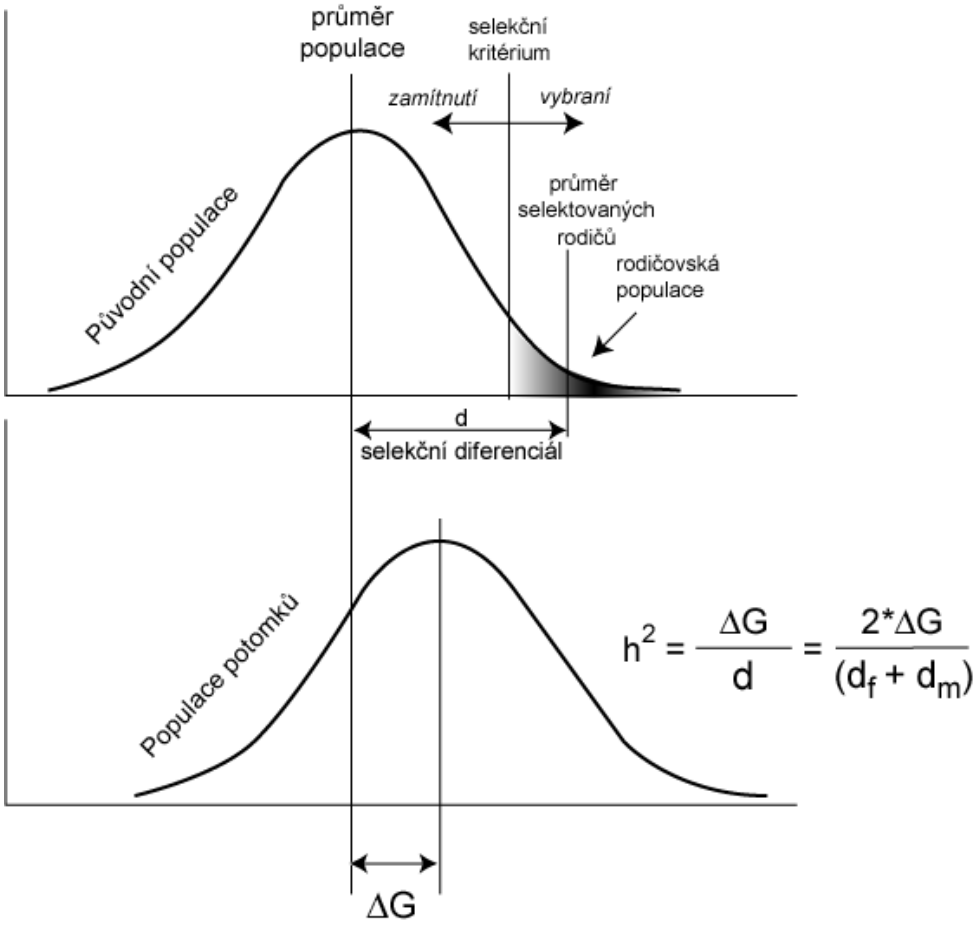
Vypočtený odhad koeficientu dědivosti na základě průměrného pořadí dcer a matek byl svou hodnotou značně vysoký.

3.1.5 Ve čtvrté kategorii výpočtů odhadu koeficientu dědivosti na základě uskutečněné selekce lze zjistit **realizovaný koeficient dědivosti** ze známého vztahu mezi realizovaným genetickým ziskem a selekční diferencí.

Platí: $\Delta G = d.h^2$ nebo $\Delta G = \frac{h^2(d_M + d_F)}{2}$

a realizovaný koeficient dědivosti:

$$h^2 = \frac{\Delta G}{d} \qquad \text{nebo} \qquad h^2 = \frac{2\Delta G}{(d_M + d_F)}$$



a) Určete odhad realizovaného koeficientu dědivosti produkce mléka, když víme, že na základě realizované selekce v populaci byl:

ΔG = 240 kg mléka za generaci

$\bar{x}_0$ = 3500 kg mléka v původní populaci

$\bar{x}_s$ = 4200 kg mléka v populaci vybraných rodičů

$$h^2 = \frac{\Delta G}{d} = \qquad\qquad =$$

b) Určete odhad realizovaného koeficientu dědivosti produkce mléka, když víme, že na základě realizované selekce v populaci byl:

ΔG = 390 kg mléka za generaci

$\bar{x}_0$ = 3600 kg mléka v původní populaci

$\bar{x}_{s_M}$ = 5300 kg mléka v populaci vybraných otců

$\bar{x}_{s_F}$ = 4400 kg mléka v populaci vybraných matek

$$h^2 = \frac{2\Delta G}{(d_M + d_F)} = \qquad\qquad =$$

c) Určete odhad realizovaného koeficientu dědivosti počtu narozených selat ve vrhu prasnic, když víme, že na základě realizované selekce v populaci byl:

ΔG = 0,236 selete za generaci

$\bar{x}_0$ = 11,20 selete v původní populaci

$\bar{x}_s$ = 12,60 selete v populaci vybraných rodičů

$$h^2 = \frac{\Delta G}{d} = \qquad\qquad =$$

d) Určete odhad realizovaného koeficientu dědivosti počtu narozených selat ve vrhu prasnic, když víme, že na základě realizované selekce v populaci byl:

ΔG = 0,208 selete za generaci

$\bar{x}_0$ = 10,00 selete v původní populaci

$\bar{x}_{s_M}$ = 12,80 selete v populaci vybraných otců

$\bar{x}_{s_F}$ = 11,60 selete v populaci vybraných matek

$$h^2 = \frac{2\Delta G}{(d_M + d_F)} = \qquad\qquad =$$

e) Zjištění odhadu realizovaného koeficientu dědivosti na základě selekčního pokusu lze provádět u modelových zvířat nebo u vybraných pokusných populací hospodářských zvířat. Odhad výpočtu realizovaného koeficientu dědivosti lze získat ze vztahu:

$$h^2 = \frac{\bar{x}_{p2} - \bar{x}_{p1}}{\bar{x}_{r2} - \bar{x}_{r1}}$$

kde:

$\bar{x}_{p1}$ - průměrná hodnota užitkovosti podprůměrných potomků

$\bar{x}_{p2}$ **-** průměrná hodnota užitkovosti nadprůměrných potomků

$\bar{x}_{r1}$ - průměrná hodnota užitkovosti podprůměrných rodičů

$\bar{x}_{r2}$ **-** průměrná hodnota užitkovosti nadprůměrných rodičů

Určete odhad realizovaného koeficientu dědivosti na základě selekčního pokusu, když:

$\bar{x}_{p1}$ = 3564 kg mléka; $\bar{x}_{p2}$ = 3700 kg mléka

$\bar{x}_{r1}$ = 3400 kg mléka; $\bar{x}_{r2}$ = 4000 kg mléka

$$h^2 = \frac{\bar{x}_{p2} - \bar{x}_{p1}}{\bar{x}_{r2} - \bar{x}_{r1}} = \qquad =$$

3.2 Výpočet odhadu koeficientu opakovatelnosti

3.2.1. U 250 prasnic ve velkochovu byly sledovány počty všech narozených selat za jejich první čtyři vrhy. Vypočítejte odhad koeficientu opakovatelnosti této užitkové vlastnosti včetně jeho střední chyby.

Tabulka výsledků jednofaktorové analýzy variance:

Proměnlivost		SS	Df	MS	složení MS
Mezi skupinami jedinců mezi prasnicemi	(a)	1681,99	$df_a = p - 1 = 249$	6,777	$= \sigma_e^2 + n_0\sigma_g^2$
Uvnitř skupin	(e)	3044,25	df_e [3]$= n - p = 750$	4,059	$= \sigma_e^2$
Celková	(c)	4756,24	$df_c = n - 1 = 999$	-	

p = 250 počet prasnic
n = 1000 počet sledovaných vrhů
k = 4 počet opakování u jedné prasnice, zde platí: $k = n_0$ vážený počet potomků

Při nestejném počtu sledování je nutno n_0 zjistit: $n_0 = \frac{1}{p-1}\left(n - \frac{\sum_i n_i^2}{n}\right)$

Odhad variance genetické: $MS_a = \sigma_e^2 + n_0\sigma_g^2$

$$\sigma_g^2 = \frac{MS_a - MS_e}{n_0} = \qquad =$$

Odhad variance prostředové: $\sigma_e^2 = MS_e$

Odhad variance fenotypové: $\sigma_P^2 = (\sigma_G^2 + \sigma_{Ep}^2 + \sigma_{GEp}^2) + \sigma_{Et}^2 + \sigma_{GEt}^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2$

$\sigma_P^2 =$ =

Výpočet odhadu intraklasního koeficientu korelace $\rho = r_{op}$ - **koeficientu opakovatelnosti**:

$$r_{op} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_P^2} = \qquad =$$

Stanovení významnosti intraklasního koeficientu korelace pomocí F-testu:

$$F = \frac{MS_a}{MS_e} = \qquad =$$

Tabulkové hodnoty: $F_{(249;750;0,05)} = 1,22$ a $F_{(249;750;0,01)} = 1,32$

Hodnota intraklasního koeficientu korelace je vysoce průkazná.

Výpočet **střední chyby koeficientu opakovatelnosti** (při stejném počtu opakování $n_0 = k$):

$$se_{r_{op}} = \sqrt{\frac{2.(1-\rho)^2\left(1+(n_0-1)\rho\right)^2}{n_0(n_0-1)(p-1)}} = \qquad =$$

[3] někde se uvádí i určení stupňů volnosti pro $df_e = p(k-1)$ (výsledek je stejný jako n-p)

Při nestejném počtu sledování je: $se_{r_{op}} = \sqrt{\frac{2.(n-1)(1-\rho)^2\left(1+(n_0-1)\rho\right)^2}{n_0^2(n-p)(p-1)}}$

Výsledná hodnota: $r_{op} \pm se_{r_{op}} =$ $\pm$

3.2.4. Na základě zjištěných opakovaných měření je možné zjistit vlastní užitkovou hodnotu jedince podmíněnou genotypem a odhadnout vliv prostředí, pokud známe hodnotu koeficientu opakovatelnosti ve sledované populaci.

Očekávaná užitkovost určitého jedince je dána modelovou rovnicí s parametry, které známe: $y_{ijk} = \mu + \alpha_i + g_{ij} + e_{ijk}$

kde: α_i - vliv chovu
g_{ij} – genotypová odchylka
e_{ijk} – vliv prostředí

a) V populaci byl vypočítán odhad koeficientu opakovatelnosti $r_{op} = 0{,}60$. Průměrná užitkovost v pátém chovu byla $y_{5\bullet\bullet} = 3970{,}7$ kg a průměrná užitkovost třetí dojnice byla $y_{53\bullet} = 3696{,}87$ kg mléka za 6 laktací. Modelovou rovnici můžeme pro tuto krávu upravit (vliv chovu neuvažujeme, protože sledujeme jen jedince v 5. chovu, jehož podmínky ovlivňují všechny dojnice stejně):

$$y_{ijk} = y_{i\bullet\bullet} + g_{ij\bullet} + e_{ijk}$$

$$y_{ijk} = y_{i\bullet\bullet} + (y_{ij\bullet} - y_{i\bullet\bullet})K_{ij\bullet} + e_{ijk}$$

$$y_{536} = 3970{,}7 + (3696{,}87 - 3970{,}7)K_{53\bullet} + e_{ijk}$$

Opravný koeficient $K_{ij\bullet}$

$$K_{ij\bullet} = \frac{n_{ij} \cdot r_{op}}{1 + (n_{ij} - 1) \cdot r_{op}} \qquad K_{53\bullet} = \qquad =$$

Odhad fenotypové odchylky dojnice vzhledem k průměrnému genofondu populace:

$$\hat{p}_{ij\bullet} = (y_{ij\bullet} - y_{i\bullet\bullet})$$

$\hat{p}_{53\bullet} =$ $=$ kg

Odhad genotypové hodnoty (odchylky) dojnice vzhledem k průměrnému genofondu populace:

$$\hat{g}_{ij\bullet} = (y_{ij\bullet} - y_{i\bullet\bullet})K_{ij\bullet} = \hat{p}_{ij\bullet} K_{ij\bullet}$$

$\hat{g}_{53\bullet} =$ $=$ kg

Odhad předpokládané užitkové schopnosti dojnice podmíněnou genotypovou odchylkou:

$$\hat{y}_{ij\bullet} = y_{i\bullet\bullet} + (y_{ij\bullet} - y_{i\bullet\bullet})K_{ij\bullet} = y_{i\bullet\bullet} + \hat{p}_{ij\bullet} K_{ij\bullet} = y_{i\bullet\bullet} + \hat{g}_{ij\bullet}$$

$\hat{y}_{53\bullet} = y_{5\bullet\bullet} + (y_{53\bullet} - y_{5\bullet\bullet})K_{53\bullet} = y_{5\bullet\bullet} + \hat{g}_{53\bullet} =$ $=$ kg

Odhad průměrného vlivu prostředí (v průběhu opakování užitkovostí):

$$\hat{e}_{ij\bullet} = y_{ij\bullet} - \hat{y}_{ij\bullet}$$

$\hat{e}_{53\bullet} = y_{53\bullet} - \hat{y}_{53\bullet} =$ $=$ kg

Průměrná vlastní užitkovost dojnice:

$y_{53\bullet} = y_{5\bullet\bullet} + \hat{g}_{53\bullet} + \hat{e}_{53\bullet} =$ $=$ kg

Lze odhadnout průměrný vliv prostředí za jednotlivé laktace, známe-li :

$y_{531} = 3092{,}14$ kg; $y_{532} = 3424{,}15$ kg; $y_{533} = 3852{,}16$ kg

$y_{534} = 4324{,}17$ kg; $y_{535} = 4123{,}18$ kg; $y_{536} = 3465{,}42$ kg

Pak:

$\hat{e}_{531} = y_{531} - \hat{y}_{53\bullet} =$ = kg

$\hat{e}_{532} = y_{532} - \hat{y}_{53\bullet} =$ = kg

$\hat{e}_{533} = y_{533} - \hat{y}_{53\bullet} =$ = kg

$\hat{e}_{534} = y_{534} - \hat{y}_{53\bullet} =$ = kg

$\hat{e}_{535} = y_{535} - \hat{y}_{53\bullet} =$ = kg

$\hat{e}_{536} = y_{536} - \hat{y}_{53\bullet} =$ = kg

b) Zjistěte opravný koeficient, odhad genotypové odchylky, odhad vlastní užitkovosti a odhady průměrného vlivu prostředí u čtvrté krávy stejného chovu jako v předchozím zadání.

Průměrná užitkovost chovu: $y_{5\bullet\bullet} = 3970{,}7$ kg

Odhad koeficientu dědivosti: $r_{op} = 0{,}60$

Počet laktací u sledované dojnice: $n_{54} = 4$

Průměrná užitkovost dojnice: $y_{54\bullet} = 4526{,}15$ kg

Užitkovost dojnice v jednotlivých laktacích byla:

$y_{541} = 3253{,}16$ kg; $y_{542} = 4826{,}17$ kg; $y_{543} = 4420{,}15$ kg; $y_{544} = 5605{,}12$ kg

---

$K_{54\bullet} =$ =

$\hat{g}_{54\bullet} =$ = kg

$\hat{y}_{54\bullet} =$ = kg

$\hat{e}_{54\bullet} =$ = kg

Odhady průměrného vlivu prostředí za jednotlivé laktace

$\hat{e}_{541} =$ = kg

$\hat{e}_{542} =$ = kg

$\hat{e}_{543} =$ = kg

$\hat{e}_{544} =$ = kg

Materiály určené pro studenty oboru Živočišné biotechnologie z předmětu „**Genetika kvantitativních znaků**“ (ZS 2015).
ÚMFGZ MZLU v Brně
http://www.af.mendelu.cz/genetika/
urban@mendelu.cz
listopad ’15
© Urban 2015

3.3 Příklady výpočtu odhadu genetických korelací

3.3.1. Zjistěte výpočtem odhad genetické korelace na základě **korelace křížem** u matek a dcer mezi produkcí vlny a živou hmotností v jejich stejném věku u ovcí plemene merino, když byly zjištěny následující fenotypové korelační vztahy:

x	hmotnost těla v kg	y	produkce vlny v kg
M	matky	D	dcery

Ve sledované velké populaci matek a dcer byly zjištěny tyto fenotypové korelace mezi vlastnostmi x a y:

$r_{x_M y_D} = +0{,}70$ - korelace mezi **x** u matek a **y** u dcer (různé vlastnosti matek a dcer - *křížové*)

$r_{y_M x_D} = +0{,}67$ - korelace mezi **y** u matek a **x** u dcer (různé vlastnosti matek a dcer - *křížové*)

$r_{x_M x_D} = +0{,}83$ - korelace mezi **x** u matek a **x** u dcer (stejné vlastnosti matek a dcer)

$r_{y_M y_D} = +0{,}65$ - korelace mezi **y** u matek a **y** u dcer (stejné vlastnosti matek a dcer)

Výpočet odhadu koeficientů genetické korelace za pomocí korelací křížem:

a) Aritmetická metoda I (využívá znalost obou křížových a obou stejných korelací)

$$\hat{r}_{G_x G_y} = \frac{r_{x_M y_D} + r_{y_M x_D}}{2\sqrt{r_{x_M x_D} . r_{y_M y_D}}} = \qquad =$$

b) Aritmetická metoda II (využívá znalost první křížové a obou stejných korelací)

$$\hat{r}_{G_x G_y} = \frac{r_{x_M y_D}}{\sqrt{r_{x_M x_D} . r_{y_M y_D}}} = \qquad =$$

c) Aritmetická metoda III (využívá znalost druhé křížové a obou stejných korelací)

$$\hat{r}_{G_x G_y} = \frac{r_{y_M x_D}}{\sqrt{r_{x_M x_D} . r_{y_M y_D}}} = \qquad =$$

d) Geometrická metoda (využívá znalost obou křížových a obou stejných korelací – výpočet geometrického středu)

$$\hat{r}_{G_x G_y} = \sqrt{\frac{r_{x_M y_D} . r_{y_M x_D}}{r_{x_M x_D} . r_{y_M y_D}}} = \qquad =$$

Z výsledků jednotlivých uvedených metod se doporučuje pro výpočet odhadu genetických korelací metoda první aritmetická a geometrická.

Střední chyba koeficientu genetické korelace je možné zjistit na základě známé genetické korelace, koeficientů dědivosti obou vlastností a jejich středních chyb podle rovnice:

$$se_{\hat{r}_{G_x G_y}} = \frac{1 - \hat{r}^2_{G_x G_y}}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{se_{\hat{h}^2_x} . se_{\hat{h}^2_y}}{\hat{h}^2_x . \hat{h}^2_y}}$$

Zjištěné hodnoty koeficientů genetických korelací mezi živou hmotností těla ovcí a produkcí vlny byly na základě použitých metod svou hodnotou , i když fenotypové korelace stejných vlastností byly svou hodnotou . Selekce ovcí na velikost těla ovlivní významně produkci vlny v této populaci.

3.3.2. Výpočet genetické, prostředové a fenotypové korelace metodou **analýzy variance a kovariance** příbuzných jedinců.

Vztah mezi obsahem bílkovin (x) a tuku (y) v mléce dojnic byl sledován v osmi chovech (k), u skupin polosester (b). Výpočet odhadu byl proveden u 487 dojnic (n), dcer po 69 otců (b) bez ohledu na pořadí laktace. Zjistěte genetické, prostředové a fenotypové korelace!

Protože byly vlastnosti sledovány u skupin polosourozenců a v různých chovech, je nutné použít dvoufaktorovou analýzou variance a kovariance podle rovnic:

% bílkovin $x_{ijk} = \mu + a_i + b_{ij} + e_{ijk}$

% tuku $y_{ijk} = \mu + a_i + b_{ij} + e_{ijk}$

kde:

x_{ijk} – obsah bílkovin v mléce u k-té dojnice, j-tého otce v i-tém chovu
y_{ijk} – obsah tuku v mléce u k-té dojnice, j-tého otce v i-tém chovu
μ – obecný průměr populace
a_i – vliv i-tého chovu
b_{ij} – vliv j-tého otce (skupin polosourozenců) v i-tém chovu
e_{ijk} – ostatní nahodilé vlivy

Tabulka analýzy variance a kovariance vlastností x a y:

Zdroj proměnlivosti	součet čtverců		stupně volnosti	součet součinů	střední čtverec		střední produkt
	SS_x	SS_y	f	SP_{xy}	MS_x	MS_y	MP_{xy}
- mezi chovy	$SS_{a\,x}$ = 4,7959	$SS_{a\,y}$ = 3,6014	$f_a = k - 1 =$ 7	$SP_{a\,xy}$ = 2,2283	$MS_{a\,x}$ = 0,685128	$MS_{a\,y}$ = 0,514485	$MP_{a\,xy}$ = 0,318328
- mezi otci uvnitř chovů	$SS_{o\,x}$ = 6,1125	$SS_{o\,y}$ = 12,6068	$f_o = b - k$ = 61	$SP_{o\,xy}$ = 4,4461	$MS_{o\,x}$ = 0,100204	$MS_{o\,y}$ = 0,206668	$MP_{o\,xy}$ = 0,072887
- mezi dojnicemi uvnitř skupin otců	$SS_{e\,x}$ = 18,1950	$SS_{e\,y}$ = 32,5841	$f_e = n - b$ = 418	$SP_{e\,xy}$ = 10,1466	$MS_{e\,x}$ = 0,043528	$MS_{e\,y}$ = 0,077952	$MP_{e\,xy}$ = 0,024274
- celková	$SS_{c\,x}$ = 29,1034	$SS_{c\,y}$ = 48,7923	$f_c = n - 1$ = 486	$SP_{c\,xy}$ = 16,8210	-	-	-

Podle složení středních čtverců a středních produktů lze zjistit jednotlivé genetické variance a kovariance podle skupin polosourozenců (podle skupin otců).

Protože ve skupinách byly různé počty pozorování, tak byl vypočítán vážený počet pozorování $n_0 = 6{,}6494$.

Výpočet odhadu genetické variance vlastnosti x a y:

- genetická variance podle otců uvnitř chovů (rozptyl podmíněný rozdílnými genotypy podle otců uvnitř chovů)

$$\sigma^2_{g_x} = \frac{MS_{O\,x} - MS_{e\,x}}{n_0} = \qquad =$$

$$\sigma^2_{g_y} = \frac{MS_{O\,y} - MS_{e\,y}}{n_0} = \qquad =$$

Výpočet odhadu genetické kovariance mezi vlastnostmi x a y:

$$cov_{g_{xy}} = \frac{cov_{O\,xy} - cov_{e\,xy}}{n_0} = \frac{MP_{O\,xy} - MP_{e\,xy}}{n_0} = \qquad =$$

Výpočet odhadu genetické korelace mezi vlastnostmi x a y:

$$\hat{r}_{G_x G_y} = \frac{cov_{g\,xy}}{\sqrt{\sigma^2_{g_x} . \sigma^2_{g_y}}} = \qquad =$$

Výpočet odhadu prostředďové korelace mezi vlastnostmi x a y:

$$\hat{r}_{E_xE_y} = \frac{cov_{e\,xy} - 3\,cov_{g\,xy}}{\sqrt{\sigma^2_{e_x} - 3.\sigma^2_{g_x}}\sqrt{\sigma^2_{e_y} - 3.\sigma^2_{g_y}}} = \frac{MP_{e\,xy} - 3\,cov_{g\,xy}}{\sqrt{MS_{e_x} - 3.\sigma^2_{g_x}}\sqrt{MS_{e_y} - 3.\sigma^2_{g_y}}} =$$

=

Výpočet odhadu fenotypové korelace mezi vlastnostmi x a y:

$$\hat{r}_{P_xP_y} = \frac{cov_{c\,xy}}{\sqrt{\sigma^2_{c_x}.\sigma^2_{c_y}}} = \frac{SP_{c\,xy}}{\sqrt{S_{c_x}.S_{c_y}}} =$$ =

Správnost výpočtu odhadů korelací je možno **ověřit rozkladem fenotypové korelace**, neboť víme, že: $\hat{r}_{P_xP_y} = h_x\,.\,h_y\,.\,r_{G_xG_y} + e_x\,.\,e_y\,.\,r_{E_xE_y}$

$h^2 + e^2 = 1{,}00 \Rightarrow e^2 = 1{,}00 - h^2$

Z analýzy variance skupin polosourozenců již umíme vypočítat odhad koeficientu dědivosti:

$$h^2_x = 4.\rho = 4\frac{\sigma^2_{g_x}}{\sigma^2_{g_x} + \sigma^2_{e_x}} = 4\frac{\sigma^2_{g_x}}{\sigma^2_{P_x}} =$$ = $h_x = \sqrt{h^2_x} =$

$$h^2_y = 4.\rho = 4\frac{\sigma^2_{g_y}}{\sigma^2_{g_y} + \sigma^2_{e_y}} = 4\frac{\sigma^2_{g_Y}}{\sigma^2_{P_y}} =$$ = $h_y = \sqrt{h^2_y} =$

$e^2_x = 1 - h^2_x =$ = $e_x = \sqrt{e^2_x} =$

$e^2_y = 1 - h^2_y =$ = $e_y = \sqrt{e^2_y} =$

$\hat{r}_{P_xP_y} = h_x\,.\,h_y\,.\,r_{G_xG_y} + e_x\,.\,e_y\,.\,r_{E_xE_y} =$ =

Který výpočet fenotypové korelace považujete za přesnější? Vysvětlete!
Je nutné také stanovit střední chyby odhadnutých parametrů, průkaznosti a intervaly spolehlivosti, které jsou stejně důležité jako získané hodnoty genetické, prostředďové a fenotypové korelace a koeficientů dědivosti.

Hodnocení: Na základě analýzy variance a kovariance skupin polosourozenců byla zjištěna hodnota koeficientu genetické korelace, hodnota koeficientu prostředďové korelace a hodnotu fenotypové korelace mezi procentickým obsahem bílkovin a tuku v mléce.

3.3.3. Záznamy z výkrmu kuřecích brojlerů o přírůstcích hmotnosti na kus a den (vlastnost x) a spotřebě krmiva na kg přírůstku (vlastnost y) byly podrobeny jednofaktorové analýze variance a kovariance. V následujícím tabulce jsou uvedeny zjištěné výsledky variance a kovariance skupin polosourozenců, variance a kovariance reziduální a celkové variance a kovariance. Výpočtové vzorce jsou stejné jako v předešlém příkladě.

Zdroj proměnlivosti	**variance**		**kovariance**
	přírůstky hmotnosti x	spotřeba krmiva y	mezi x a y
mezi otci	1602	6150	2229
reziduální	10719	55354	20619
celková	12312	61504	22848

Na základě předpočítaných hodnot zjistěte výpočet odhadu genetické, prostředďové a fenotypové korelace a rovněž vypočtěte odhad hodnot koeficientů dědivosti obou vlastností!

Výpočet odhadu genetické korelace mezi vlastnostmi x a y:

$$\hat{r}_{G_xG_y} = \frac{cov_{g\,xy}}{\sqrt{\sigma^2_{g_x} . \sigma^2_{g_y}}} = \qquad = 0{,}710136$$

Výpočet odhadu prostředové korelace mezi vlastnostmi x a y:

$$\hat{r}_{E_xE_y} = \frac{cov_{e\,xy} - 3\,cov_{g\,xy}}{\sqrt{\sigma^2_{e_x} - 3.\sigma^2_{g_x}}\sqrt{\sigma^2_{e_y} - 3.\sigma^2_{g_y}}} =$$

$$= 0{,}943133$$

Výpočet odhadu fenotypové korelace mezi vlastnostmi x a y:

$$\hat{r}_{P_xP_y} = \frac{cov_{c\,xy}}{\sqrt{\sigma^2_{c_x} . \sigma^2_{c_y}}} = \qquad = 0{,}830295$$

Výpočet odhadu koeficientů dědivosti vlastností x a y:

$$\hat{h}^2_x = 4\frac{\sigma^2_{g_x}}{\sigma^2_{P_x}} = \qquad = 0{,}520088 \qquad h_x = \sqrt{h^2_x} = 0{,}721171$$

$$\hat{h}^2_y = 4\frac{\sigma^2_{g_Y}}{\sigma^2_{P_y}} = \qquad = 0{,}399974 \qquad h_y = \sqrt{h^2_y} = 0{,}632435$$

Ověření správnosti výpočtu odhadu fenotypové korelace na základě rozkladu fenotypové korelace:

$$e^2_x = 1 - h^2_x = \qquad = 0{,}479912 \qquad e_x = \sqrt{e^2_x} = 0{,}692759$$

$$e^2_y = 1 - h^2_y = \qquad = 0{,}600026 \qquad e_y = \sqrt{e^2_y} = 0{,}774613$$

$$\hat{r}_{P_xP_y} = h_x . h_y . r_{G_xG_y} + e_x . e_y . r_{E_xE_y} = \qquad = 0{,}829991$$

3.3.4. V návaznosti na předchozí příklad (3.3.3.) předpokládejme, že ve sledované populaci probíhala selekce u jedné linie ve směru zvýšení přírůstků živé hmotnosti a u druhé linie selekce ve směru zvýšení spotřeby krmiva. U obou linií byla prováděna selekce u 10 % otců a u 20 % matek. Zjistěte efekt selekce za generaci u těchto dvou hodnotících ukazatelů užitkovosti při realizaci přímé selekce a když obě užitkové vlastnosti byly selektovány nepřímo.

Řešení:

V tabulkách hodnot standardizované selekční diference v závislosti na intenzitě selekce zjistěte (z tabulek selekční intenzity kdy je velikost populace nekonečně velká):

intenzita selekce pro otce i = 1,755
intenzita selekce pro matky i = 1,400
průměr pro oba rodiče i = 1,578

a) *přímá selekce* – selekční zisk za jednu generaci lze získat za pomoci vztahu:

- pro přírůstky hmotnosti (obě pohlaví)

$$\Delta G_x = i . h^2_x . \sigma_{Px} = \qquad = \qquad g$$

- pro spotřebu krmiva (obě pohlaví)

$$\Delta G_y = i . h^2_y . \sigma_{Py} = \qquad = \qquad g$$

b) *nepřímá selekce* – selekční zisk za jednu generaci lze získat pomocí vztahu **korelovaného selekčního zisku** (efektu). Korelovaný selekční zisk poskytuje informaci, o kolik se za jednu generaci po provedené selekci podle užitkové vlastnosti x zvětšila nebo zmenšila užitková vlastnost y, která nebyla předmětem selekce. Je logické, že čím větší je genetická korelace mezi nimi, tím větší můžeme předpokládat vyšší selekční zisk. Korelovaný selekční zisk u vlastnosti y ($_{kor.}\Delta G_y$) je dána součinem přímého selekčního zisku vlastnosti x (ΔG_x)a genetickou regresí vlastností x a y ($b_{G\,xy}$).

$$_{kor.}\Delta G_y = \Delta G_x \,.\, b_{G\,xy} \qquad\qquad _{kor.}\Delta G_x = \Delta G_y \,.\, b_{G\,xy}$$

$$b_{G\,yx} = r_{GxGy}.\frac{\sigma_{Gy}}{\sigma_{Gx}} \qquad\qquad b_{G\,xy} = r_{GxGy}.\frac{\sigma_{Gx}}{\sigma_{Gy}}$$

Korelovaný selekční zisk přírůstku hmotnosti podle selekce spotřeby krmiva x (obě pohlaví):

$h_x =$ $\qquad$ $h_y =$ $\qquad$ $r_{GxGy} =$

$\sigma_{Px} =$ $\qquad$ $\sigma_{Py} =$

$_{kor.}\Delta G_x = i.h_x.h_y.r_{GxGy}.\sigma_{Px} =$ $\qquad$ $=$ $\qquad$ g

$_{kor.}\Delta G_y = i.h_x.h_y.r_{GxGy}.\sigma_{Py} =$ $\qquad$ $=$ $\qquad$ g

Závěr:

Přímá selekce	Nepřímá selekce
$\Delta G_x =$	$_{kor.}\Delta G_x =$
$\Delta G_y =$	$_{kor.}\Delta G_y =$

Realizovaný odhad genetické korelace z genetického zisku a korelovaného zisku:

- vybraní jedinci na základě vlastnosti x - lze měřit přímý selekční zisk pro vlastnost x (ΔG_x) a korelovaný selekční zisk vlastnosti y ($_{kor.}\Delta G_y$)
- vybraní jedinci na základě vlastnosti y - lze měřit přímý selekční zisk pro vlastnost y (ΔG_y) a korelovaný selekční zisk vlastnosti x ($_{kor.}\Delta G_x$)

$$r_{Gxy} = \sqrt{\frac{_{kor.}\Delta G_x}{\Delta G_x}.\frac{_{kor.}\Delta G_y}{\Delta G_y}} = \qquad = $$

Materiály určené pro studenty oboru Živočišné biotechnologie z předmětu „**Genetika kvantitativních znaků**“ (ZS 2014).
ÚMFGZ MENDELU
urban@mendelu.cz
listopad ’14
© Urban 2014