

## Segregační analýza

- Segregační analýza se používá v případě analýzy chorob tam, kde se výsledky pozorování značně liší od jakýchkoliv mendelovských modelů dědičnosti. Lze použít:
  - Jednoduchý model segregační analýzy (SSA)
  - Rozsáhlý model (BSA) se zainkorporováním kombinací různých jedinců a skupin, s analýzou vazbové nerovnováhy atd.
- Postup při detekci majorgenů, na jehož konci je segregační analýza, lze shrnout do následujících bodů:
  - Kontrola genetické povahy sledovaného znaku
  - Kontrola platnosti s mendelovským modelem
  - Provedení jednoduché segregační analýzy
  - Provedení rozsáhlé segregační analýzy (kombinace jedinců a skupin, analýza vazbová nerovnováha)
- Výpočet Steinbergerova kritéria platnosti recesivního modelu dědičnosti jednoduché segregační analýzy:

- Odhad horní segregační četnosti  $p_u$ .

$$p_u = (A - A_1) / (T - A_1)$$

- Odhad dolní segregační četnosti  $p_l$ .

$$p_l = (A - n) / (T - n)$$

- Odhad rozptylu  $p_u$ :

$$\sigma_{p_u} = \sqrt{\left\{ \frac{(T-A)}{(T-A_1)^3} [A-A_1 + 2A_2 \frac{(T-A)}{(T-A_1)}] \right\}}$$

- Odhad rozptylu  $p_l$ :

$$\sigma_{p_l} = \sqrt{\left\{ \frac{(T-A)}{(T-n)^3} [A-n] \right\}}$$

- Pak výpočet Steinbergerova kritéria:

$$p_u + \sigma_{p_u} > 0.25 > p_l - \sigma_{p_l}$$