

Odhad heritability u dvojčat

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



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Dvojčata

Jedinci s identickým genotypem ~ podobně jako inbrední linie

Studie dvojčat (lidé, skot)

Zohlednění společného prostředí – od zygoty po narození, a v dalším období, kdy jsou spolu -> variance mezi páry dvojčat obsahuje varianci společného prostředí (V_{Ec}), spojená s V_G

Tento problém lze řešit analýzou dvou typů dvojčat:

monozygotní (MZ) a dizygotní(DZ)

MZ ~ úplní sourozenci

DZ ~ polosourozenci

- ve společném prostředí mají přibližně stejný rozměr jako MZ

Odhad množství genetické variance, ptáme se nakolik méně

jsou si podobní DZ než MZ?



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Složení komponent variance mezi páry dvojčat

	Mezi páry, σ_b^2	Uvnitř páru, σ_w^2
MZ dvojčata	$V_A + V_D + V_{Ec}$	V_{Ew}
DZ dvojčata	$\frac{1}{2} V_A + \frac{1}{4} V_D + V_{Ec}$	$\frac{1}{2} V_A + \frac{3}{4} V_D + V_{Ew}$
Rozdíl ($MS_{MZ} - MS_{DZ}$)	$\frac{1}{2} V_A + \frac{3}{4} V_D$	$\frac{1}{2} V_A + \frac{3}{4} V_D$

Za předpokladu, že obě složky variance prostředí, V_{Ec} a V_{Ew} , jsou stejné pro MZ a DZ V_I se neuvažuje; celková genetická variance je stejná u MZ a u DZ

Rozdíly mezi MZ a DZ dvojčaty v obou komponentách odhadují $\frac{1}{2} V_A$ společně se $\frac{3}{4} V_D$
 $(\sigma_{bMZ}^2 - \sigma_{bDZ}^2) + (\sigma_{wMZ}^2 - \sigma_{wDZ}^2)$

Korelace mezi páry dvojčat je podílem komponenty variance mezi páry fenotypovou variancí ~ dvojnásobek rozdílu mezi MZ korelace a DZ korelace:

$$\text{„Heritabilita“} = \frac{(V_A + \frac{1}{2} V_D)}{V_P}$$

Výpočet se více blíží heritabilitě v širším smyslu, než v úzkém smyslu.



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Genetika kvantitativních znaků

Další genetické parametry

- koeficient opakovatelnosti
- genetické korelace



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Koeficient opakovatelnosti

Opakované měření stejné vlastnosti na stejném jedinci v průběhu jeho života (nejlépe za stejných podmínek) → podobnost měření je závislá na velikosti genetické determinace.

Koeficient opakovatelnosti udává podíl proměnlivosti zapříčiněný genetickými rozdíly z celkové fenotypové proměnlivosti.

- Na stejném místě (prostorové opakování, topografická)
- Opakování v časovém období (s věkem)



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Koeficient opakovatelnosti - r_{op}

$$S_p^2 = S_G^2 + S_{E_p}^2 + S_{GE_p}^2 + S_{E_T}^2 + S_{GE_T}^2$$

S_g^2 S_e^2

Měření jsou **rozdílná** → vlivy dočasné jsou různé

Měření jsou **podobná** → vlivy stálé jsou stejné

stálé vlivy:
podobnost $s = S_G^2 + S_{E_p}^2 + S_{GE_p}^2 = \boxed{S_g^2}$

Zdroj proměnlivosti mezi jedinci

dočasné vlivy:
rozdílnost $e = S_{E_T}^2 + S_{GE_T}^2 = \boxed{S_e^2}$

Zdroj proměnlivosti mezi měřeními u jedince

Korelace mezi fenotypovými hodnotami různých měření u všech jedinců populace je OPAKOVATELNOST:

koeficient opakovatelnosti: r_{op}

$$r_{op} = r = \frac{S_g^2}{S_p^2} = \frac{S_G^2 + S_{E_p}^2 + S_{GE_p}^2}{S_p^2} = h_s^2 + \frac{S_{E_p}^2 + S_{GE_p}^2}{S_p^2}$$

$$h_u^2 < h_s^2 < r_{op}$$

$$h^2 = r_{op} - \frac{\sigma_{E_p}^2 + \sigma_{GE_p}^2}{\sigma_p^2}$$

r_{op} je horní hranicí h^2



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Př.: 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.**

Proměnlivost	SS	df	MS	složení MS	
Mezi skupinami jedinců mezi prasnicemi (a)	1681,99	$df_a = p - 1 = 249$	6,777	$\sigma_e^2 + n_0 \sigma_g^2$	$MS_a = \sigma_e^2 + n_0 \sigma_g^2$
Uvnitř skupin (e)	3044,25	$df_e = n - p = 750$	4,059	σ_e^2	$MS_e = \sigma_e^2$
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

$$\text{Odhad variance genetické: } \sigma_g^2 = \frac{MS_a - MS_e}{n_0} = 0,6740$$

$$\text{Odhad variance fenotypové: } \sigma_P^2 = (\sigma_G^2 + \sigma_{Ep}^2 + \sigma_{GEP}^2) + \sigma_{Et}^2 + \sigma_{GET}^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2 = 4,7330$$



INVESTICE DO ROZVOJE Vzdělávání

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

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

$$r_{op} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_P^2} = 0,1424$$

$$se_{r_{op}} = \sqrt{\frac{2 \cdot (1 - \rho)^2 (1 + (n_0 - 1)\rho)^2}{n_0(n_0 - 1)(p - 1)}} = 0,0317$$



INVESTICE DO ROZVOJE Vzdělávání

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

$$Y_{ijkl} = HY_i + M_j + a_k + p_k + b_1 x_{ijkl} \\ + b_2(x_{ijkl})^2 + e_{ijkl}$$

To estimate variances with the **repeatability model, REML**, was used.

Y_{ijkl} is milk, fat, or protein yield with twice daily milking and complete records of length 240 to 305 d for cow k in herd-year i, calving month j, and lactation l;

HY_i is effect of herd-year i;

M_j is effect of calving month j;

x_{ijkl} is the cow age at calving;

a_k is additive genetic effect of cow k;

p_k is the permanent environmental effect of cow k;

b_1 and b_2 are the partial regression coefficients for linear and quadratic effects of age at calving;

e_{ijkl} is random residual associated with each record.

Heritability and Repeatability for Milk Production Traits of Japanese Holsteins from an Animal Model. Suzuki M., Van Flack L.D., 1994, J Dairy Sci 77:583-588

TABLE 3. Estimated variance components,¹ heritabilities, and repeatabilities (R) of milk yield for 10 data files with means and empirical standard errors.

Subsets	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	h^2	R
1	428,434	342,251	705,362	.29	.52
2	392,230	308,267	652,472	.29	.52
3	376,293	261,408	608,725	.30	.51
4	378,277	305,932	703,141	.27	.49
5	452,460	291,879	708,161	.31	.51
6	376,338	292,226	666,288	.28	.50
7	489,450	345,570	597,150	.34	.58
8	435,667	411,703	545,908	.34	.61
9	288,459	288,008	543,053	.26	.51
10	480,144	444,486	522,103	.33	.64
\bar{X}	409,775	329,173	625,236	.30	.54
SE	17,999	17,484	21,573	.01	.01

¹ $\hat{\sigma}_a^2$ = Estimated variance component for additive genetic effects (kilograms squared), $\hat{\sigma}_p^2$ = estimated variance component for permanent environmental effects (kilograms squared), and $\hat{\sigma}_e^2$ = estimated error variance (kilograms squared).

TABLE 5. Estimated variance components,¹ heritabilities, and repeatabilities (R) of protein yield for 10 data files with means and empirical standard errors.

Subsets	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	h^2	R
1	317.0	321.4	616.3	.25	.51
2	298.9	276.2	569.7	.26	.50
3	280.3	237.2	527.3	.27	.50
4	268.3	296.8	604.4	.23	.48
5	354.7	271.5	604.1	.29	.51
6	273.3	277.3	573.1	.24	.49
7	358.5	403.7	496.6	.28	.61
8	427.7	371.6	456.0	.34	.64
9	227.0	241.3	461.8	.24	.50
10	175.6	247.2	451.2	.20	.48
\bar{X}	298.1	294.4	536.1	.26	.52
SE	21.4	16.8	19.7	.01	.02

¹ $\hat{\sigma}_a^2$ = Estimated variance component for additive genetic effects (kilograms squares), $\hat{\sigma}_p^2$ = estimated variance component for permanent environmental effects (kilograms squared), and $\hat{\sigma}_e^2$ = estimated error variance (kilograms squared).

TABLE 4. Estimated variance components,¹ heritabilities, and repeatabilities (R) of fat yield for 10 data files with means and empirical standard errors.

Subsets	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	h^2	R
1	662.2	451.3	1077.0	.29	.51
2	576.8	393.5	943.3	.30	.51
3	552.0	339.7	890.3	.31	.50
4	511.2	450.4	973.2	.26	.50
5	678.3	372.1	982.2	.33	.52
6	463.7	446.9	926.9	.25	.50
7	811.9	476.4	833.4	.38	.61
8	633.4	485.7	768.9	.34	.59
9	423.1	394.0	787.6	.26	.51
10	345.3	390.8	786.8	.23	.48
\bar{X}	565.8	420.1	897.0	.30	.52
SE	41.2	14.5	30.5	.01	.01

¹ $\hat{\sigma}_a^2$ = Estimated variance component for additive genetic effects (kilograms squared), $\hat{\sigma}_p^2$ = estimated variance component for permanent environmental effects (kilograms squared), and $\hat{\sigma}_e^2$ = estimated error variance (kilograms squared).



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Význam r_{op}

Určuje horní hranici koeficientu heritability (obsahuje i vlivy dominance a interakce genů, navíc i složku stálých vlivů prostředí a interakci genů a prostředí).

Pro odhad není nutné mít skupiny příbuzných jedinců.

Upřesňuje stanovení skutečně geneticky podmíněné užitkové hodnoty (odhad genotypové odchylky).

Pro výpočet odhadu koeficientu heritability.

Zpřesnění účinnosti selekce.



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Fenotypové, genetické, genotypové a paratypové korelace

Vztahy mezi vlastnostmi

- **pozitivní** – zvýšením jednoho znaku se zvyšuje i druhý
- **negativní** – zvýšením jednoho znaku se snižuje druhý



INVESTICE DO ROZVOJE Vzdělávání

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

Fenotypová korelace

- závislost mezi pozorovanými hodnotami P_x a P_y je daná kombinací závislostí genotypových hodnot a účinků prostředí;
- korelační páry = dvojice měření znaku x a znaku y u téhož jedince;

r_P

r_{PxPy}



INVESTICE DO ROZVOJE Vzdělávání

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

Genotypová a genetická korelace

genotypová = závislost mezi genotypovými hodnotami znaků x a y;

r_G ;

r_{GxGy} ;

genetická = závislost aditivních hodnot obou znaků – častější;

- vyjadřuje rozsah, ve kterém dvě měření odrážejí, co je geneticky stejná vlastnost

(délka křídel : délka těla $r = 0,75$)



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Paratypová korelace

Prostřed'ová korelace

Závislost mezi efekty prostředí

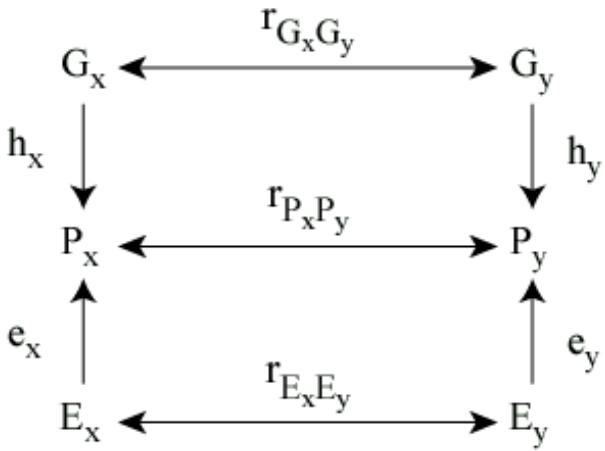
r_E

r_{ExEy}



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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



Ze schématu vyplývá **rozklad fenotypové korelace**:

$$r_{P_x P_y} = h_x \cdot h_y \cdot r_{G_x G_y} + e_x \cdot e_y \cdot r_{E_x E_y}$$

$$r_{P_x P_y} = h_x \cdot h_y \cdot r_{G_x G_y} + \sqrt{(1 - h_x^2)(1 - h_y^2)} \cdot r_{E_x E_y}$$



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Výpočet korelace – obecně

Zohledňuje variance (rozptyly) obou vlastností
a jejich vzájemnou kovariaci:

$$r_{P_x P_y} = \frac{\sum [(x - \bar{x}) \cdot (y - \bar{y})]}{\sqrt{\sum (x - \bar{x})^2 \cdot \sum (y - \bar{y})^2}}$$

Zjednodušeně: $r_{P_x P_y} = \frac{\text{cov}_{xy}}{\sqrt{\text{var}(x) \cdot \text{var}(y)}}$



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Vznik genetických korelací

Pleiotropní působení genů

= gen ovlivňuje více znaků ve stejném čase

Vazba genů

= geny lokalizovány v jedné vazbové skupině

- čím blíže, tím je vazba silnější

- není stálá – crossing over

- vazba mezi skupinami genů



INVESTICE DO ROZVOJE Vzdělávání

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

• zavedení genů do populace

- ~ dočasné korelace
- dané intenzivním využíváním vybraných jedinců
- Při změně intenzity rozmnožování určitých jedinců genetické korelace zanikají
- narušení náhodným pářením



INVESTICE DO ROZVOJE Vzdělávání

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

Metody odhadu genetické korelace

- metoda korelace křížem
- analýza variance a kovariance
- realizovaná genetická korelace na základě výsledku selekce

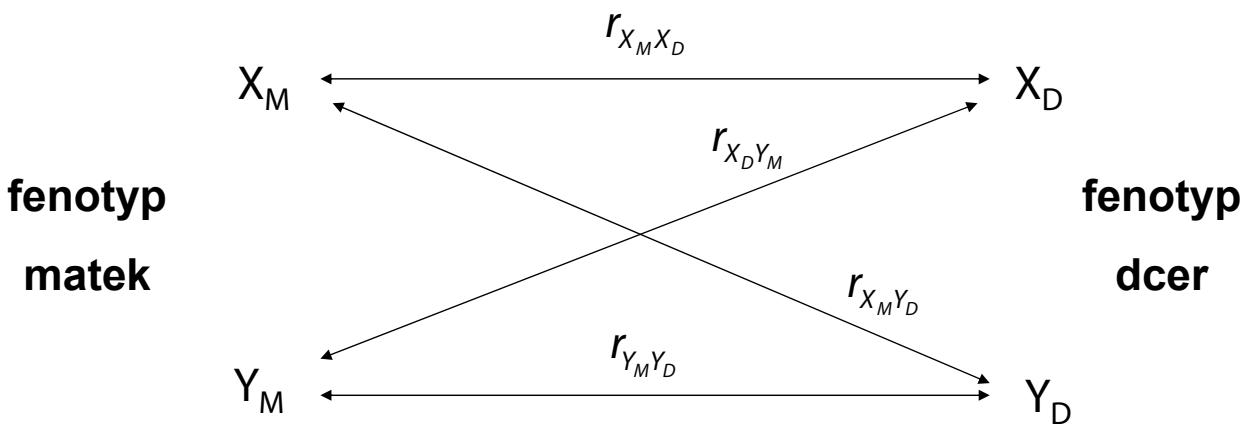


INVESTICE DO ROZVOJE Vzdělávání

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

1. Korelace křížem

- známe fenotypovou hodnotu znaku x, y u rodiče a potomka



$$r_{G_X G_Y} = \frac{r_{X_D Y_M} + r_{X_M Y_D}}{2 \cdot \sqrt{r_{X_M X_D} \cdot r_{Y_M Y_D}}}$$

Křížová korelace různých
vlastností u matek a dcer

Křížová korelace stejných
vlastností u matek a dcer



INVESTICE DO ROZVOJE Vzdělávání

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

2. Analýza variance a kovariance

- Jednofaktorová
- Dvoufaktorová
- u skupin příbuzných jedinců
- Cíl: určit **variance a kovariance** genetické a prostředkové
- Počítáme 2 ANOVY pro 2 vlastnosti a navíc analýzu kovariance současně pro obě vlastnosti

$$r_{G_x G_y} = \frac{\text{cov}(G_{xy})}{\sqrt{\text{var}(G_x) \cdot \text{var}(G_y)}}$$

$$r_{E_x E_y} = \frac{\text{cov}(E_{xy})}{\sqrt{\text{var}(E_x) \cdot \text{var}(E_y)}}$$

$$r_{P_x P_y} = \frac{\text{cov}(P_{xy})}{\sqrt{\text{var}(P_x) \cdot \text{var}(P_y)}}$$



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

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.

$$\begin{array}{ll} \% \text{ bílkovin} & x_{ijk} = \mu + a_i + b_{ij} + e_{ijk} \\ \% \text{ tuku} & y_{ijk} = \mu + a_i + b_{ij} + e_{ijk} \end{array}$$

Zdroj proměnlivosti	součet čtverců		stupně volnosti	součet součinů	střední čtverec (variance)		střední produkt (kovariance)
	SS _x	SS _y			MS _x	MS _y	
- 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 otcí 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	-	-	-

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

$$\sigma_{g_x}^2 = \frac{MS_{Ox} - MS_{ex}}{n_0} = 0,00852$$

$$\sigma_{g_y}^2 = \frac{MS_{Oy} - MS_{ey}}{n_0} = 0,01936$$

$$\text{cov}_{g_{xy}} = \frac{\text{cov}_{Oxy} - \text{cov}_{exy}}{n_0} = \frac{MP_{Oxy} - MP_{exy}}{n_0} = 0,00731$$



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

$$\hat{r}_{G_x G_y} = \frac{\text{cov}_{g_{xy}}}{\sqrt{\sigma_{g_x}^2 \cdot \sigma_{g_y}^2}} = 0,569$$

$$\hat{r}_{E_x E_y} = \frac{\text{cov}_{e_{xy}} - 3\text{cov}_{g_{xy}}}{\sqrt{\sigma_{e_x}^2 - 3\sigma_{g_x}^2} \sqrt{\sigma_{e_y}^2 - 3\sigma_{g_y}^2}} = \frac{MP_{e_{xy}} - 3\text{cov}_{g_{xy}}}{\sqrt{MS_{e_x} - 3\sigma_{g_x}^2} \sqrt{MS_{e_y} - 3\sigma_{g_y}^2}} = 0,1239$$

$$\hat{r}_{P_x P_y} = \frac{\text{cov}_{c_{xy}}}{\sqrt{\sigma_{c_x}^2 \cdot \sigma_{c_y}^2}} = \frac{SP_{c_{xy}}}{\sqrt{SS_{c_x} \cdot SS_{c_y}}} = 0,4464$$

Správnost výpočtu odhadů korelací je možno ověřit rozkladem fenotypové korelace

$$h_x^2 = 4 \cdot \rho = 4 \frac{\sigma_{g_x}^2}{\sigma_{g_x}^2 + \sigma_{e_x}^2} = 4 \frac{\sigma_{g_x}^2}{\sigma_{P_x}^2} = 0,655 \quad h_x = \sqrt{h_x^2} = 0,8093 \quad e_x = \sqrt{e_x^2} = \sqrt{1 - h_x^2} = 0,5874$$

$$h_y^2 = 4 \cdot \rho = 4 \frac{\sigma_{g_y}^2}{\sigma_{g_y}^2 + \sigma_{e_y}^2} = 4 \frac{\sigma_{g_y}^2}{\sigma_{P_y}^2} = 0,7957 \quad h_y = \sqrt{h_y^2} = 0,8921 \quad e_y = \sqrt{e_y^2} = \sqrt{1 - h_y^2} = 0,4520$$

$$\hat{r}_{P_x P_y} = h_x \cdot h_y \cdot r_{G_x G_y} + e_x \cdot e_y \cdot r_{E_x E_y} = 0,4438$$



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

3. Z výsledku selekce

- Realizovaná genetická korelace 2 vlastností na základě výsledků selekce, podle výše genetického zisku
 - selekční pokus
 - selekce v běžných podmínkách



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

a) Selekční pokus

- $\Delta G_{X/Y_S}$ genetický zisk v selektované části populace
- $\Delta G_{X/Y}$ genetický zisk v neselektované části populace

$$r_{G_X G_Y} = \frac{\Delta G_{X_S}}{\Delta G_Y} \cdot \frac{\Delta G_{Y_S}}{\Delta G_X}$$



INVESTICE DO ROZVOJE Vzdělávání

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

b) Selekce v běžných podmírkách

- provádíme selekci dle jednoho znaku
- stanovíme dosažený genetický zisk pro oba znaky
- známe-li heritabilitu obou znaků, pak při selekci podle X

$$r_{G_X G_Y} = \frac{\Delta G_Y}{i_x h_X \sigma_{G_Y}} = \frac{\Delta G_Y}{i_x h_X h_Y \sigma_{P_Y}}$$



INVESTICE DO ROZVOJE Vzdělávání

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

Korelovaný selekční efekt

- o kolik se v generaci po selekci na znak X změní znak Y, který nebyl předmětem selekce
- vlastnosti ve vazbě (skot: mléčné složky)

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

$$\Delta G_x = i \cdot h_x^2 \cdot \sigma_{px}$$

$$\Delta G_y = i \cdot h_y^2 \cdot \sigma_{py}$$

b) **nepřímá selekce** – selekční zisk za jednu generaci lze získat pomocí vztahu **korelovaného selekčního zisku (efektu)**.

$$kor. \Delta G_y = \Delta G_x \cdot b_{Gxy}$$

$$kor. \Delta G_x = \Delta G_y \cdot b_{Gxy}$$

$$b_{Gyx} = r_{GxGy} \cdot \frac{\sigma_{Gy}}{\sigma_{Gx}}$$

$$b_{Gxy} = r_{GxGy} \cdot \frac{\sigma_{Gx}}{\sigma_{Gy}}$$

$$kor. \Delta G_x = i \cdot h_x \cdot h_y \cdot r_{GxGy} \cdot \sigma_{px}$$

$$kor. \Delta G_y = i \cdot h_x \cdot h_y \cdot r_{GxGy} \cdot \sigma_{py}$$



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Příklady genetických korelací

skot	r_P	r_G	r_E
produkce mléka : % tuku	-0,26	-0,38	-0,18
prod. mléka v 1 : 2 laktaci	0,40	0,75	0,26
prasata			
přírůstek : hřebetní tuk	0,00	0,13	-0,18
přírůstek : výkrmnost	0,66	0,69	0,64
drůbež			
hm. těla : hm. vejce	0,33	0,42	0,23
hm. těla : snáška	0,01	-0,17	0,08



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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