

Oblasti aplikácie najčastejšie používaných základných a zložitejších štatistických metód

1. Hodnotenie rastu a vývoja hospodárskych zvierat
2. Hodnotenie mliekovej úžitkovosti
3. Hodnotenie mäsovej úžitkovosti
4. Hodnotenie zovňajšku zvierat a zostavovanie exteriérových profilov
5. Hodnotenie reprodukčných ukazovateľov aplodnosti.
6. Hodnotenie produkcie vlny a produkcie vajec
7. Hodnotenie výkonnostnej a športovej činnosti zvierat
8. Hodnotenie dlhovekosti a prežiteľnosti zvierat.
9. Analýza zdrojov premenlivosti jednotlivých znakov a vlastností.
10. Výpočet genetického zisku
11. Hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby
12. Odhad genetických parametrov a plemenných hodnôt
13. Výpočet selekčných indexov

Pri všetkých uvedených oblastiach sa intenzívne využívajú **základné nástroje popisnej a interferenčnej štatistiky**. Týka sa to hlavne hodnotenia jednotlivých skupín úžitkových, exteriérových a reprodukčných vlastností hospodárskych zvierat.

Pri niektorých vlastnostiach je ale zvýraznený dôraz na podmienku dodržania normálneho rozdelenie početnosti záznamov a preto je potrebné prvotne uskutočniť frekvenčné a distribučné analýzy jednotlivých znakov.

V prípade nedodržania podmienky normality údajov je nutné navrhnúť postup (resp. postupy riešenia) tohto problému. V praxi je často využívaná transformácia (normalizácia údajov) v prípade uvedeného javu. Ako príklad uvádzame rutinne uskutočňovanú logaritmicкую transformáciu počtu somatických buniek v kravskom mlieku v rámci kontroly mliekovej úžitkovosti hovädzieho dobytku a využívanie novo vytvoreného ukazovateľa (skóre za somatické bunky).

Pri oblasti hodnotenia rastu a vývoja zvierat a pri laktačných krivkách kráv sa intenzívnejšie využívajú náročnejšie korelačné a nelineárne regresné analýzy. Oblasť hodnotenia dlhovekosti a prežiteľnosti zvierat má zasa špecifické požiadavky na analýzy prežiteľnosti a analýzy hazardných modelov.

Oblasti 9-13, ktoré patria viacej do problematiky šľachtenia hospodárskych zvierat využívajú okrem základných štatistických metód aj pomerne pokročilejšie a zložitejšie metódy analýz rozptylu v rôznych formách a typoch lineárnych a zmiešaných modelov.

Práve v tejto oblasti sa nevyhnutne používajú, okrem základných štatistických prístupov, prístupy a metódy zohľadňujúce geneticko-biologickú podstatu problému. Zabudovanie genetických efektov a hlavne zohľadnenie rodokmeňových informácií zvierat vo forme matíc aditívne genetickej podobnosti (resp. využitie markérových, genomických informácií) je preto nevyhnutné. Pre uvedené analýzy existuje pomerne veľké množstvo špecifických programových aplikácií a systémov, ktoré sú intenzívne využívané pre rutinné, vývojové a výskumné činnosti.

Hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby hospodárskych zvierat

Hodnotenie príbuznosť v priamom rade

Hodnotenie príbuznosť v bočnom rade

Hodnotenie príbuzenskej plemenitby

Vzorové údaje 2.1 (zdroj: Databáza údajov projektu KEGA)

Vzorové údaje 2.2 (zdroj: SAS/STAT® 15.2 User's Guide, opravený chybný záznam, Candrák, 2021)

Aplikácia programu SAS (SAS Enterprise Guide) - procedúra INBREED**Praktické použitie programu SAS (SAS Enterprise Guide)**

1. úloha (SAS) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (vzorové údaje 2.1)

Výsledky úlohy 1 (Pedigree 1 - bez zohľadnenia príbuzenskej plemenitby)

Výsledky úlohy 1 (Pedigree 2 - so zohľadnením príbuzenskej plemenitby)

2. úloha (SAS) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (vzorové údaje 2.2)

Výsledky úlohy 2

Aplikácia programu CFC**Praktické použitie programu CFC**

3. úloha (CFC) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (vzorové údaje 2.1)

Výsledky úlohy 3

4. úloha (CFC) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (vzorové údaje 2.2)

Výsledky úlohy 4

5. úloha (CFC) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (anglický plnokrvník)

Výsledky úlohy 5

Aplikácia programu R**Praktické použitie programu R (R Studio)**

6. úloha (program R) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (vzorové údaje 2.1)

Výsledky úlohy 6 (Pedigreemm)

Výsledky úlohy 6 (GeneticsPed)

7. úloha (program R) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (vzorové údaje 2.2)

Výsledky úlohy 7 (GeneticsPed)

Hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby hospodárskych zvierat

Hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby je možné uskutočniť viacerými spôsobmi. Základný spôsob hodnotenia je **klasické (rodokmeňové) hodnotenie** pri ktorom využívame hlavne základné Wrightove koeficienty hodnotenia príbuznosti a príbuzenskej plemenitby.

Ďalším spôsobom hodnotenia je zostavenie **matice aditívnej genetickej podobnosti**. Matica aditívnej genetickej príbuznosti má nezastupiteľné miesto hlavne pri odhade plemenných hodnôt na základe animal modelov so zohľadnením príbuzenských vzťahov medzi zvieratami. Klasické hodnotenie a hodnotenie na základe matice aditívnej príbuznosti predstavuje **odhadovanú genetickú podobnosť** medzi jedincami (nezohľadňuje náhodný mendelistický výber). V prípade veľkého počtu jedincov je v priemere príbuznosť a príbuzenská plemenitba odhadnutá veľmi spoľahlivo, čo ale nemusí platiť individuálne pri konkrétnych jedincoch.

Novou, modernou, možnosťou hodnotenia príbuznosti a príbuzenskej plemenitby je využitie najnovších genomických informácií na základe polymorfizmu jednoduchých dusíkatých báz. Maticu aditívnej genetickej príbuznosti nahrádza **matica genomickej príbuznosti**.

Hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby na základe matice genomickej príbuznosti predstavuje skutočne **realizovanú genetickú podobnosť** medzi jedincami (zohľadnený náhodný mendelistický výber). Realizovaná genetická podobnosť je ale priamo závislá od množstva genomických informácií, ktoré sú pri hodnotení zvierat použité. Uvedený postup sa začína intenzívne používať v poslednom období, ale je pomerne finančne náročný, pretože potrebujeme genotypovať hodnotené jedince. Nejedná sa prvotne o výpočtový proces ako to je v prípade klasického hodnotenia, ale sa jedná o genomické testovanie zvierat a až následne sa výpočtovo uskutoční zostavenie genomickej matice príbuznosti.

Hodnotenie príbuznosť v priamom rade

Jedince sú príbuzné v priamom rade ak existuje priamy vzťah medzi predkom a potomkom. Pri praktickom hodnotení sa sleduje priamy rad v rozsahu 4-6 generácií. Koeficient príbuznosti v priamom rade R_{AO} sa vypočíta nasledovne:

$$R_{AO} = 0,5^n \cdot \sqrt{\frac{(1+F_A)}{(1+F_O)}}$$

n predstavuje počet úsekov (generácií) medzi dvoma hodnotenými jedincami v priamom rade, F_A je koeficient príbuzenskej plemenitby predka, F_O je koeficient príbuzenskej plemenitby potomka.

Koeficient príbuzenskej plemenitby F_A a F_O sa využijú iba v prípade, že predok, alebo potomok vznikli príbuzenskou plemenitbou. Typickými príbuznými jedincami v priamom rade sú otec-syn, otec-dcéra, matka-syn, matka-dcéra, starý otec-vnuk, starý otec-vnučka a podobne.

Hodnotenie príbuznosť v bočnom rade

Jedince sú príbuzné v bočnom rade ak existuje aspoň jeden spoločný predok v rodokmeni otca a v rodokmeni matky. Na spoločného predka sú z dôvodu jeho správneho určenia kladené nasledovné požiadavky: spoločný predok sa musí nachádzať v rodokmeni otca aj v rodokmeni matky, spoločný predok musí byť jednoznačne určený v rodokmeni otca a v rodokmeni matky (jednoznačná identifikácia hospodárskych zvierat, dodržané pravidlá označovania zvierat), spoločný predok musí vytvárať rôznych potomkov.

Koeficient príbuznosti v bočnom rade R_{XY} sa vypočíta podľa vzorca:

$$R_{XY} = \frac{\sum 0,5^{n_1+n_2} \cdot (1+F_A)}{\sqrt{(1+F_X) \cdot (1+F_Y)}}$$

n_1 , n_2 predstavujú počet úsekov (generácií) od spoločného predka po hodnotených

jedincov, F_A je koeficient príbuzenskej plemenitby spoločného predka, F_X a F_Y sú koeficienty príbuzenskej plemenitby jedincov X a Y. Príbuznými jedincami v bočnom rade sú úplní súrodenci (majú spoločných oboch rodičov), neúplní súrodenci (spoločný iba jeden rodič), bratranec a sesternica a ďalší.

Hodnotenie príbuzenskej plemenitby

Základom hodnotenia príbuzenskej plemenitby podľa rodokmeňových informácií je výpočet koeficienta príbuzenskej plemenitby F_X . Koeficient príbuzenskej plemenitby sa vypočíta podľa nasledovného vzorca:

$$F_X = \sum 0,5^{n_1+n_2+1} \cdot (1 + F_A)$$

n_1, n_2 predstavujú počet úsekov (generácií) od spoločného predka po rodičov hodnoteného jedinca, F_A je koeficient príbuzenskej plemenitby spoločného predka. V prípade, že jedinec vznikol príbuzenskou plemenitbou tak platí veľmi jednoduchý vzťah medzi koeficientom príbuzenskej plemenitby (F_X) a koeficientom príbuznosti jeho rodičov (R_{XY}):

$$F_X = \frac{R_{XY}}{2} \text{ alebo } R_{XY} = 2 \cdot F_X$$

Aplikácia programu SAS (SAS Enterprise Guide) - procedúra INBREED

Procedúra INBREED slúži na výpočet koeficientov príbuznosti a príbuzenskej plemenitby v rámci rodokmeňových informácií domácich a hospodárskych zvierat. Može byť ale využitá pri hodnotení príbuznosti a príbuzenských vzťahov a v rámci analýzy humánnych rodokmeňových informácií. Pomocou uvedenej procedúry môžeme analyzovať pomerne rozsiahle rodokmeňové informácie, čo je v prípade hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby početnejších populácií hospodárskych zvierat mimoriadne dôležité.

Analýzy pomocou tejto metódy je možné uskutočňovať za predpokladu, že všetky hodnotené jedince patria buď do rovnakej generácie, alebo existuje aj druhé nastavenie analýzy, kedy sa celá populácia zvierat rozdeľuje na neprekrývajúce sa generácie a procedúra analyzuje každú generáciu samostatne za predpokladu, že rodičia jedincov súčasnej generácie sú definovaní v predchádzajúcej generácii.

Využitie procedúry umožňuje uskutočniť výpočty aj podľa pohlavia jedincov, v prípade, že je známe a tiež umožňuje simulovať možnosti následných selektívnych párení vybraných jedincov. Výber následných selektívnych párení slúži ako užitočný nástroj novej eliminácie nežiadúcej príbuzenskej plemenitby.

Výpočet koeficientov koeficientov príbuzenskej plemenitby (F_X) a kovariačných koeficientov (koeficientov príbuznosti, R_{XY}) je uskutočnený na základe vzťahov, ktoré odvodili a publikovali Falconer a Mackay (1996) a Kempthorne (1957).

Ak sa koeficient príbuznosti nedá vypočítať z jednotlivých rodokmeňových informácií môže sa mu priradiť počiatočná hodnota. Počiatočná hodnota je štandardne nastavená na hodnotu 0. Pokiaľ sú nám ale známe celopopulačné priemerné hodnoty koeficientov príbuznosti resp. koeficientov príbuzenskej plemenitby, v nejakej skupine zvierat, môžeme práve tieto použiť pre takýto prípad. Analýzy hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby sa stáva presnejšou a objektívnejšou.

Procedúra INBREED v rámci programu SAS resp. SAS Enterprise Guide sa používa ako príkazový program s presne definovanými parametrami a nastaveniami, ktorý je potrebné zostaviť a následne aplikovať.

[Podrobný manuál použitia procedúry INBREED](https://documentation.sas.com/doc/en/statug/15.2/statug_inbreed_overview.htm)

https://documentation.sas.com/doc/en/statug/15.2/statug_inbreed_overview.htm

Vzorové údaje 2.1 (zdroj: Databáza údajov projektu KEGA)

Vzorové údaje 2.1 tvorí pôvodný jednoduchý rodokmeň jedinca A (Pedigree 1) bez existencie príbuzenskej plemenitby a aktualizovaný (opravený) rodokmeň jedinca A s existenciou príbuzenskej plemenitby (Pedigree 2). Príbuzenskú plemenitbu v rodokmeni 2 spôsobuje spoločný predok M.

Pedigree 1

A	B	D
		M
	C	F
		G

Pedigree 2

A	B	D
		M
	C	F
		M

Vzorové údaje 2.2 (zdroj: SAS/STAT® 15.2 User's Guide, opravený chybný záznam, Candrák, 2021)

Vzorové údaje 2.2 obsahujú rodokmeňové informácie (8 ošípaných s evidovaným pohlavím jedinca).

Swine	Sire	Dam	Sex
2501	2200	3112	F
3504	2200	2501	M
3514	2521	3112	F
3519	2521	2501	F
2789	3504	3514	F
3501	2521	3514	F
3712	3504	3514	M
3121	2200	3501	F

Vytvorenie vstupných súborov:

Rodokmeňových súbor údajov použitý ako vstup do procedúry INBREED musí obsahovať pozorovanie pre každého jedinca. Pozorovanie musí obsahovať jednu premennú identifikujúcu jedinca a dve premenné identifikujúce rodičov jedinca (neznámi rodičia sú bez označenia, resp. s prázdny m záznamom). Voliteľne môže pozorovanie obsahovať známy koeficient kovariancie (príbuznosti), znakovú premennú definujúcu pohlavie jedinca a premennú definujúcu skupinu jedincov.

Praktické použitie programu SAS (SAS Enterprise Guide)

1. úloha (SAS) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (vzorové údaje 2.1)

Procedúra: Proc INBREED

Uskutočnite hodnotenie príbuzenských vzťahov (vypočítajte koeficienty príbuznosti a príbuzenskej plemenitby) v rámci rodokmeňa jedinca A. Zostavte a zobrazite maticu aditívnej genetickej príbuznosti pre 7 hodnotených jedincov samostatne bez zohľadnenia príbuzenskej plemenitby a samostatne so zohľadnením príbuzenskej plemenitby.

Vytvorenie vstupného súboru (Pedigree 1):	Vytvorenie vstupného súboru (Pedigree 2):
<pre>data pedigree1; input jedinec \$ otec \$ matka \$ pohl \$; datalines; D . . M M . . F F . . F G . . M B D M F C F G M A B C F ;</pre>	<pre>data pedigree2; input jedinec \$ otec \$ matka \$ pohl \$; datalines; D . . M M . . F F . . F G . . M B D M F C F M M A B C F ;</pre>

Zostavenie procedúry INBREED (Pedigree 1):	Zostavenie procedúry INBREED (Pedigree 2):
<pre>title 'Pedigree 1'; proc inbreed data=Pedigree1 covar matrix ind average; var jedinec otec matka; run;</pre>	<pre>title 'Pedigree 2'; proc inbreed data=Pedigree1 covar matrix ind average; var jedinec otec matka; run;</pre>

Výsledky úlohy 1 (Pedigree 1 - bez zohľadnenia príbuzenskej plemenitby)

Tab. 2.1a

Covariance Coefficients									
jedinec	otec	matka	D	M	F	G	B	C	A
D			1.0000	.	.	.	0.5000	.	0.2500
M			.	1.0000	.	.	0.5000	.	0.2500
F			.	.	1.0000	.	.	0.5000	0.2500
G			.	.	.	1.0000	.	0.5000	0.2500
B	D	M	0.5000	0.5000	.	.	1.0000	.	0.5000
C	F	G	.	.	0.5000	0.5000	.	1.0000	0.5000
A	B	C	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500	0.5000	0.5000	1.0000

Tab. 2.1b

Covariance Coefficients of Individuals			
jedinec	otec	matka	Coefficient
D			1.0000
M			1.0000
F			1.0000
G			1.0000
B	D	M	1.0000
C	F	G	1.0000
A	B	C	1.0000

V tabuľkách sú uvedené hodnoty koeficientov príbuznosti (resp. koeficientov príbuzenskej plemenitby ak by bola potvrdená). Z výsledkov je zrejmé, že v hodnotenom rodokmeňovom súbore (Pedigree 1) nie je žiadny inbrédny jedinec. Všetky diagonálne prvky v prvej tabuľke a aj individuálne koeficienty v druhej tabuľke majú hodnotu 1. Počiatočná hodnota úrovne príbuznosti nebola nastavená a preto medzi niektorými jedincami nebolo možné vypočítať koeficienty príbuznosti.

V prípade, že by bola nastavená počiatočná hodnota (priemerná celopopulačná hodnota koeficienta príbuznosti, ako príklad uvádzame hodnotu 0,05) hodnoty koeficientov sa zmenia. Zmenené hodnoty uvádzame v tabuľkách 2.1c a 2.1d.

Tab. 2.1c

Covariance Coefficients									
jedinec	otec	matka	D	M	F	G	B	C	A
D			1.0249	0.0499	0.0499	0.0499	0.5374	0.0499	0.2936
M			0.0499	1.0249	0.0499	0.0499	0.5374	0.0499	0.2936
F			0.0499	0.0499	1.0249	0.0499	0.0499	0.5374	0.2936
G			0.0499	0.0499	0.0499	1.0249	0.0499	0.5374	0.2936
B	D	M	0.5374	0.5374	0.0499	0.0499	1.0249	0.0499	0.5374
C	F	G	0.0499	0.0499	0.5374	0.5374	0.0499	1.0249	0.5374
A	B	C	0.2936	0.2936	0.2936	0.2936	0.5374	0.5374	1.0249

Tab. 2.1d

Covariance Coefficients of Individuals			
jedinec	otec	matka	Coefficient
D			1.0249
M			1.0249
F			1.0249
G			1.0249
B	D	M	1.0249
C	F	G	1.0249
A	B	C	1.0249

Výsledky úlohy 1 (Pedigree 2 – so zohľadnením príbuzenskej plemenitby)

Tab. 2.2a

Covariance Coefficients									
jedinec	otec	matka	D	M	F	G	B	C	A
D			1.0000	.	.	.	0.5000	.	0.2500
M			.	1.0000	.	.	0.5000	0.5000	0.5000
F			.	.	1.0000	.	.	0.5000	0.2500
G			.	.	.	1.0000	.	.	.
B	D	M	0.5000	0.5000	.	.	1.0000	0.2500	0.6250
C	F	M	.	0.5000	0.5000	.	0.2500	1.0000	0.6250
A	B	C	0.2500	0.5000	0.2500	.	0.6250	0.6250	1.1250

Tab. 2.2b

Covariance Coefficients of Individuals			
jedinec	otec	matka	Coefficient
D			1.0000
M			1.0000
F			1.0000
G			1.0000
B	D	M	1.0000
C	F	M	1.0000
A	B	C	1.1250

Na základe analýzy opraveného rodokmeňa jedinca A, ktorý zachytáva príbuzenskú plemenitbu sme zistili, že samotný jedinec A vznikol príbuzenskou plemenitbou, pretože jeho rodičia majú rovnakú matku (M). Koeficient príbuzenskej plemenitby dosiahol hodnotu 0,125 (v tabuľkách uvádzaná hodnota 1,125 od ktorej musíme odpočítať hodnotu 1).

2. úloha (SAS) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (vzorové údaje 2.2)

Procedúra: Proc INBREED

Uskutočnite hodnotenie príbuzenskej plemenitby na základe analýzy zložitejších rodokmeňových informácií v malej skupine ošípaných. Analýzu doplňte o výpočet selektívnych párení niektorých jedincov a výpočet koeficientov inbrídingu všetkých jedincov. Samostatne vypočítajte priemerné hodnoty koeficientov príbuzenskej plemenitby podľa dvoch kategórií pohlavia. Navrhované selektívne párenia: 3504 (M) 2521 (M) / 2501(F), 3712(M) / 3121(F).

Vytvorenie vstupného súboru (Swine): data Swine; input Swine_Number \$ Sire \$ Dam \$ Sex \$; datalines ; 2501 2200 3112 F 3504 2200 2501 M 3514 2521 3112 F 3519 2521 2501 F 2789 3504 3514 F 3501 2521 3514 F 3712 3504 3514 M 3121 2200 3501 F ;	Zostavenie procedúry INBREED (Swine): proc inbreed data=Swine ind average ; var Swine_Number Sire Dam; matings 3504 2521 / 2501, 3712 / 3121; gender Sex; run ;
--	---

Výsledky úlohy 2 (hodnotenie príbuzenskej plemenitby a selektívne pripravovanie)

Tab. 2.3a

Inbreeding Coefficients of Individuals			
Swine_Number	Sire	Dam	Coefficient
2200			.
3112			.
2501	2200	3112	.
3504	2200	2501	0.2500
2521			.
3514	2521	3112	.
3519	2521	2501	.
2789	3504	3514	0.0625
3501	2521	3514	0.2500
3712	3504	3514	0.0625
3121	2200	3501	.

Tab. 2.3b

Inbreeding Coefficients of Matings		
Sire	Dam	Coefficient
3504	2501	0.3750
2521	2501	.
3712	3121	0.1953

Tab. 2.3c

Averages of Inbreeding Coefficient Matrix		
	Inbreeding	Coancestry
Male X Male	0.0781	0.1719
Male X Female	.	0.1766
Female X Female	0.0446	0.1983
Over Sex	0.0568	0.1844

Na základe výsledkov analýzy bolo zistené, že štyri jedince vznikli na základe príbuzenskej plemenitby. Jedince označené číslami 3504 a 3501 dosiahli rovnakú hodnotu koeficienta príbuzenskej plemenitby 0,250, čo predstavuje zvýšenie homozygotnosti oproti ich rodičovskej generácii o 25 %. Dalšie dva jedince 2789 a 3712 dosiahli hodnotu 0,0625.

V rámci možného selektívneho pripustenia vybratých dvojíc jedincov boli pri dvoch zistené pomerne vysoké hodnoty intenzity príbuzenskej plemenitby (0,3750 a 0,1953). Pri jednej dvojici nebol zistený výskyt príbuzenskej plemenitby možného potomka. Uvedené výsledky je možné využiť pri navrhovaní skutočného pripravovania jedincov v budúcnosti.

Aplikácia programu CFC

Softvérový balík CFC (Contribution, Inbreeding (F), Coancestry) predstavuje analyticko štatistický software na analýzu rodokmeňových informácií a monitorovanie genetickej diverzity (Sargolzaei, Mehdi & Iwaisaki, H. & Colleau, J.J., 2006). Z dôvodu jeho efektivity a rýchlosti výpočtu sa využíva hlavne pri hodnotení pomerne rozsiahlych rodokmeňových záznamov rôznych druhov hospodárskych zvierat. Využívanie programu je voľné pre výskumné a vzdelávacie účely.

Program umožňuje analyzovať príbuznosť, vypočítať koeficienty príbuzenskej plemenitby, koeficienty príbuznosti spolu aj s ich rozkladom na základe celého rodokmeňa a na základe jednotlivých predkov hodnotených jedincov. Dôležitým prvkom programu je optimalizácia párenia z dôvodu aby sa dala minimalizovať, alebo monitorovať priemerná príbuzenská plemenitba v ďalšej generácii potomkov (Sonesson, Meuwissen, 2000).

Z hľadiska monitorovania genetickej diverzity je veľmi užitočný výpočet pravdepodobnosti pôvodu génu (génov). Pri výpočtoch pravdepodobnosti pôvodu génov, z hľadiska základných predkov, sa využívajú metodické postupnosti (Lacy, 1989, Caballero a Toro, 2000, Sargolzaei, Colleau, 2006).

Výpočet matice aditívnej genetickej príbuznosti je uskutočnený na základe faktorizácie (Colleau, 2002). V CFC sa na výpočet koeficientov príbuzenskej plemenitby používa Colleauov modifikovaný algoritmus (Sargolzaei et al., 2005).

Výpočet koeficientov príbuznosti sa zvyčajne nevyžaduje ak hodnotíme veľké populácie zvierat. Časovo je pomerne náročnejší a predstavuje aj veľký rozsah výsledkov. Dôležitejšie sú ale základné popisné štatistiky hodnotenia príbuznosti a príbuzenskej plemenitby. Program umožňuje veľmi rýchlo vypočítať práve tieto štatistiky príbuzenských vzťahov podľa jednotlivých definovaných skupín, alebo za celú hodnotenú populáciu zvierat. Pri výpočte je použitá efektívna nepriama metóda (Colleau, 2002).

CFC program ponúka aj veľa ďalších možností: súhrnné informácie o štruktúre rodokmeňov, prekódovanie rodokmeňov, kontrola rodokmeňov v prípadné formálnych a logických chýb, výber jednotlivých predkov, alebo potomkov. Zobrazuje cesty, ktoré spájajú rodičov jednotlivých inbredných jedincov až k ich základným spoločným predkom.

Výstupy programu je možné zobraziť, vytlačiť alebo veľmi jednoducho, vo forme textového súboru, uložiť.

Vytvorenie vstupných súborov:

Rodokmeňových súbor údajov, použitý ako vstup do programu CFC, musí byť vo forme jednoduchého textového súboru. Hlavička textového súboru musí obsahovať kľúčové slová: **Progeny Sire Dam Group F** (Potomstvo Otec Matka Skupina F).

Prvé tri stĺpce sú nevyhnutné, ale stĺpce Group a F sú voliteľné. Stĺpce by môžu byť oddelené medzerami, tabulátormi alebo čiarkami. Stĺpce môžu mať ľubovoľné poradie. Identifikácia jedinca musí byť bez medzier, môže byť číselná, znaková resp. kombinovaná ale nesmie prekročiť 20 znakov.

Rodič s neznámou identifikáciou musí mať označenie „0“. Stĺpec skupina je možné použiť voliteľne na zoskupenie jednotlivcov, napríklad: rok narodenia, stádo, pohlavie, špecifická skupina jedincov. Hodnota skupiny musí byť celé číslo v rozsahu od 0 do 3000 a bodka (.) pre neznámu skupinu.

Stĺpec F je tiež voliteľný a možno ho použiť na výpočet koeficientov príbuzenskej plemenitby pre novonarodené jedince, alebo pre ľubovoľný súbor jedincov, pri ktorých sú dopredu známe ich koeficienty príbuzenskej plemenitby a sú známi ich predkovia. Táto možnosť je vhodná najmä pre veľké populácie zvierat s veľkým počtom známych generácií predkov. Pre jedincov s neznámou príbuzenskou plemenitbou je použitý v tomto prípade znak (.).

Praktické použitie programu CFC

3. úloha (CFC) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (vzorové údaje 2.1)

Uskutočnite rodokmeňovú analýzu jedinca A na základe dvoch vzorových rodokmeňov (Pedigree 1, Pedigree 2). Charakterizujte rodokmeňovú štruktúru jedincov, vypočítajte individuálne a priemerné koeficienty (priemerné koeficienty v triedení podľa pohlavia jedincov a spolu). Vypočítajte pravdepodobnosť pôvodu génov základných predkov.

Tab. 2.4a

Vytvorenie vstupného súboru (Ped01.pdg):				Vytvorenie vstupného súboru (Ped02.pdg):			
! group 1 samec group 2 samica				! group 1 samec group 2 samica			
Progeny	Sire	Dam	Group	Progeny	Sire	Dam	Group
D	0	0	1	D	0	0	1
M	0	0	2	M	0	0	2
F	0	0	1	F	0	0	1
G	0	0	2	G	0	0	2
B	D	M	1	B	D	M	1
C	F	G	2	C	F	M	2
A	B	C	1	A	B	C	1

Výsledky úlohy 3

Hodnotenie príbuznosti:

Tab. 2.4b

Pedigree 1			Pedigree 2		
Between all individuals.			Between all individuals.		
Relationships in the range of 0.001 - 1 are shown.			Relationships in the range of 0.001 - 1 are shown.		
Individual ID	Individual ID	Relationship coefficient	Individual ID	Individual ID	Relationship coefficient
-----	-----	-----	-----	-----	-----
B	D	0.5	B	D	0.5
B	M	0.5	B	M	0.5
C	F	0.5	C	M	0.5
C	G	0.5	C	F	0.5
A	D	0.25	C	B	0.25
A	M	0.25	A	D	0.235702
A	F	0.25	A	M	0.471405
A	G	0.25	A	F	0.235702
A	B	0.5	A	B	0.589256
A	C	0.5	A	C	0.589256

Hodnotenie príbuzenskej plemenitby:

Tab. 2.4c

Pedigree 1		Pedigree 2	
No. of individuals in total	7	No. of individuals in total	7
No. of inbreds	0	No. of inbreds	1
No. of evaluated individuals	7	No. of evaluated individuals	7
No. of inbreds in evaluated	0	No. of inbreds in evaluated	1
List of inbreds in evaluated individuals		List of inbreds in evaluated individuals	
There is no inbred in evaluated individuals.		No. of dis. gen. Longest ancestral	
		Individual F equiv. path	
		A 0.125 2 2	

Výsledky hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby sú identické ako v prípade riešenia úlohy 1 pomocou programu SAS. Obsahujú ale navyše popis detailnej rodokmeňovej štruktúry hodnotených jedincov so štatistikami hodnotenia a výsledkami pravdepodobnosti pôvodu génov podľa skupín definovaného pohlavia jedincov.

Tab. 2.4d

<u>Rodokmeňová štruktúra:</u>	<u>Rodokmeňová štruktúra:</u>
<u>Pravdepodobnosť pôvodu génov (skupina 1):</u>	<u>Pravdepodobnosť pôvodu génov (skupina 1):</u>
<u>Pravdepodobnosť pôvodu génov (skupina 2):</u>	<u>Pravdepodobnosť pôvodu génov (skupina 2):</u>

Priemerný koeficient príbuzenskej plemenitby všetkých hodnotených jedincov dosiahol hodnotu 0,0178571. Priemerný koeficient príbuzenskej plemenitby samcov dosiahol hodnotu 0,03125. V skupine samíc nebola zistená žiadna príbuzenská plemenitba. Najväčší príspevok pôvodu génov (0,03125) na priemerný koeficient príbuzenskej plemenitby bol zistený pri základnom predkovi (samica) **M**.

4. úloha (CFC) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (vzorové údaje 2.2)

Uskutočnite detailnú rodokmeňovú analýzu a posúďte navrhované selektívne párenia dvojíc jedincov v male skupine ošípaných. Selektívne párenie: 3504 (1) 2521 (1) / 2501(2), 3712(1) / 3121(2).

Vytvorenie vstupného súboru (Swine.pdg):				Selektívne párenie:	
! group 1 samec group 2 samica				3504 3521 / 2501	
Progeny	Sire	Dam	Group	3712 / 3121	
2200	0	0	1		
3112	0	0	2		
2521	0	0	1		
2501	2200	3112	2		
3504	2200	2501	1		
3514	2521	3112	2		
3519	2521	2501	2		
2789	3504	3514	2		
3501	2521	3514	2		
3712	3504	3514	1		
3121	2200	3501	2		

Výsledky úlohy 4

Hodnotenie príbuznosti:

Tab. 2.5a

Between all individuals. Relationships in the range of 0.001 - 1 are shown.					
Individual ID	Individual ID	Relationship coefficient			
-----	-----	-----			
2501	2200	0.5	3712	2521	0.242536
2501	3112	0.5	3712	3112	0.363803
3504	2200	0.67082	3712	2501	0.485071
3504	3112	0.223607	3712	3504	0.596559
3504	2501	0.67082	3712	3514	0.545705
3514	2521	0.5	3712	3519	0.363803
3514	3112	0.5	3712	2789	0.588235
3514	2501	0.25	3501	2521	0.67082
3514	3504	0.111803	3501	3112	0.223607
3519	2200	0.25	3501	2501	0.111803
3519	2521	0.5	3501	3504	0.05
3519	3112	0.25	3501	3514	0.67082
3519	2501	0.5	3501	3519	0.391312
3519	3504	0.33541	3501	2789	0.352512
3519	3514	0.375	3501	3712	0.352512
2789	2200	0.363803	3121	2200	0.5
2789	2521	0.242536	3121	2521	0.375
2789	3112	0.363803	3121	3112	0.125
2789	2501	0.485071	3121	2501	0.3125
2789	3504	0.596559	3121	3504	0.363361
2789	3514	0.545705	3121	3514	0.375
2789	3519	0.363803	3121	3519	0.34375
3712	2200	0.363803	3121	2789	0.378962
			3121	3712	0.378962
			3121	3501	0.559017

V rámci hodnotenie príbuznosti máme vypočítanú genetickú podobnosť (koeficienty príbuznosti) medzi všetkými hodnotenými jedincami navzájom.

Hodnotenie príbuzenskej plemenitby a selektívne párenie:

Tab. 2.5b

No. of individuals in total	11	Selektívne párenie:	
No. of inbreds	4	3504 3521 / 2501	
No. of evaluated individuals	11	3712 / 3121	
No. of inbreds in evaluated	4		
List of inbreds in evaluated individuals		List of inbreds in evaluated individuals	
	No. of dis. gen. Longest ancestral		No. of dis. gen. Longest ancestral
Individual	F equiv. path	Individual	F equiv. path
3504	0.25 1.5 2	3504 / 2501	0.375 2.25 3
2789	0.0625 2.25 3	3521 / 2501	0.195313 3 4
3712	0.0625 2.25 3	3712 / 3121	. . .
3501	0.25 1.5 2		

Hodnotenie príbuzenskej plemenitby poskytuje aj pohľad na najvzdialenejšie generácie predkov, ktorý spôsobili existenciu príbuzenskej plemenitby. Program automaticky dopĺňa ďalšie generácie predkov pokiaľ sú zaznamenané v iných častiach rodokmeňových informácií hodnotených jedincov. Vo vzorovom príklade bola automaticky doplnená a využitá pri selektívnom párení jednej dvojice jedincov dokonca až 4. generácia predkov.

Podrobné výsledky rodokmeňovej analýzy a pravdepodobnosti pôvodu génov skupiny ošípaných uvádzame v tabuľke 2.5c.

Tab. 2.5c

Rodokmeňová štruktúra:	
Pravdepodobnosť pôvodu génov (skupina 1):	
Pravdepodobnosť pôvodu génov (skupina 2):	

5. úloha (CFC) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (anglický plnokrvník)

Uskutočnite detailnú rodokmeňovú analýzu a vypočítajte hodnotu koeficienta príbuzenskej plemenitby anglického plnokrvníka: **AT THE THRESHOLD** narodeného v roku 1981.

AT THE THRESHOLD (USA) ch. H, 1981 (9-b) DP = 2-3-18-1-0 (24) DI = 1.40 CD = 0.25 - 18 Starts, 9 Wins, 2 Places, 5 Shows **Career Earnings:** \$695,930

NORCLIFFE (CAN) br. 1973	BUCKPASSER (USA) dkb/br. 1963 [C]	TOM FOOL (USA) b. 1949 [IC]	MENOW (USA) b. 1935	PHARAMOND (GB) br. 1925	
		BUSANDA (USA)* blk. 1947	GAGA (USA) b. 1942	ALCIBIADES (USA) ch. 1927 *	
			WAR ADMIRAL (USA) br. 1934 [C]	BULL DOG (FR) br. 1927 [B]	
	DRAMA SCHOOL (CAN) ch. 1966	NORTHERN DANCER (CAN) b. 1961 [BC]	BUSINESSLIKE (USA) br. 1939	ALPOISE (USA) b. 1937	MAN O' WAR (USA) ch. 1917 [S]
		STALINA (IRE) br. 1949	NEARCTIC (CAN) br. 1954	BRUSHUP (USA) b. 1929	BLUE LARKSPUR (USA) br. 1926 [C]
			NATALMA (USA)* b. 1957	LA TROIENNE (FR) b. 1926 *	NEARCO (ITY) br. 1935 [BC]
WINVER (USA) ch. 1972	VERTEX (USA) ch. 1954	STALINO (GB) br. 1942	LADY ANGELA (GB) ch. 1944	NATIVE DANCER (USA) gr. 1950 [C]	
		BOSCABELL (GB) br. 1940	ALMAHMOUD (USA) ch. 1947 *	STARBUCK (USA) ch. 1937	
	WINDSOR LADY (USA) ch. 1961	THE RHYMER (USA) ch. 1938	RHYTHMIC (USA) ch. 1931	ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	STARBUCK (USA) ch. 1937
		KANACE (USA) gr. 1945	RINKEY (USA) b. 1921	ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	INKLING (IRE) br. 1932
			PRINCE JOHN (USA) ch. 1953 [C]	CASE ACE (USA) b. 1934	ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925
		JUNE FETE (USA) ch. 1951	PRINCEQUILLO (IRE) b. 1940 [IS]	KANLAST (USA) gr. 1940	ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925
NOT AFRAID (USA)* br. 1948	LAST LIGHT (USA) gr. 1934		ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	ST GERMAN (GB) b. 1921	
ORESTES (GB) b. 1941	PRINCE ROSE (GB) b. 1928 [C]	MARKET DAY (USA) b. 1946	ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	SWYNFORD (GB) br. 1907 [C]	
	JOHNSTOWN (USA) b. 1936		ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	HAMOAZE (GB) b. 1921	
	EASY DAY (USA) b. 1930		ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	TEDDY (FR) b. 1913 [S]	
			ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	SWEETHEART (USA) ch. 1920 *	
			ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	KANTAR (FR) b. 1925	
			ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	LAST LIGHT (USA) gr. 1934	
			ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	PRINCE ROSE (GB) b. 1928 [C]	
			ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	COSQUILLA (GB) b. 1933	
			ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	COUNT FLEET (USA) br. 1940 [C]	
			ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	BANISH FEAR (USA) br. 1932 *	
			ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	DONATELLO (FR) ch. 1934 [P]	
			ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	ORISON (GB) b. 1923	
			ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	JOHNSTOWN (USA) b. 1936	
			ROYAL MINSTREL (GB) gr. 1925	EASY DAY (USA) b. 1930	

Zdroj rodokmeňa: <https://www.pedigreequery.com/at+the+threshold> (databáza rodokmeňových informácií koní plemena anglický plnokrvník)

Pre účely spresnenia analýzy boli rodokmeňové informácie základného 5 generáčného rodokmeňa rozšírené do 8. generácie predkov. Ukážka časti vstupného súboru potrebného pre program CFC (10 jedincov):

Tab. 2.5d

Progeny	Sire	Dam	Group
POLYMELUS	CYLLENE	MAIDMARIAN	1
BROMUS	SAINFOIN	CHEERY	2
CHAUCER	STSIMON	CANTERBURYPIILGRIM	1
SERENISSIMA	MINORU	GONDOLETTE	2
PHARAMOND	PHALARIS	SELENE	1
LADYCICERO	CICERO	STECLAIRE II	2
ROIHERODE	LESAMARITAIN	ROXELANE	1
ULTIMUS	COMMANDO	RUNNINGSTREAM	1
MANDYHAMILTON	JOHNO' GAUNT	MYSWEETHEART	2
REGALROMAN	ROIHERODE	LADYCICERC	2

Poznámka: Group 1 - žrebec, Group - 2 kobyľa

Výsledky úlohy 5

Podrobné výsledky rodokmeňovej analýzy anglického plnokrvníka **AT THE THRESHOLD** uvádzame v tabuľke 2.6.

Tab. 2.5e

Hodnotenie príbuznosti:	Pravdepodobnosť pôvodu génov (skupina 1):
Hodnotenie príbuzenskej plemenitby:	Pravdepodobnosť pôvodu génov (skupina 2):
Rodokmeňová štruktúra:	

Koeficient príbuzenskej plemenitby anglického plnokrvníka AT THE THRESHOLD dosiahol hodnotu 0,00896215 (0,9 %), čo nepredstavuje pri danom plemene reálny problém. Priemerný počet generácií pri hodnotení príbuzenskej plemenitby dosiahol hodnotu 8,354. Najvzdialenejšou generáciou, ktorá bola automaticky doplnená, bola 12. generácia predkov v rámci jednej vetvy rodokmeňa koňa.

Aplikácia programu R

Program R poskytuje pomerne veľa metodických možností analýzy rodokmeňových údajov rôzneho typu a zamerania. Najčastejšie je možné podľa vytvorených programových balíkov a knižníc uskutočniť tradičné, ale aj moderné (geneticky, genomicky) orientované podrobné rodokmeňové analýzy vybratých jedincov, skupín, plemien, alebo celých populácií hospodárskych a domácich zvierat. Analýzy rodokmeňových údajov sú veľmi často využívané a integrované v rámci genetického hodnotenia hospodárskych zvierat rôznych ukazovateľov a znakov ekonomického významu. Najčastejšie sú súčasťou zmiešaných lineárnych modelov využívaných pri odhadoch genetických parametrov a plemenných hodnôt zvierat.

Špeciálne balíky programu R umožňujú tak isto veľmi efektívne vytvárať, kontrolovať a narábať so samotnými rodokmeňovými informáciami. Systém umožňuje import a export rôznych typov rodokmeňových informácií a ich uchovávanie v efektívnom tvare.

Hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby je možné uskutočniť pomocou jednoduchých funkcií, alebo pomocou ucelených programových balíkov. Ako príklad uvádzame programový balík **GeneticsPed** (Pedigree and genetic relationship functions), ktorý obsahuje ucelené viaceré metódy a funkcie tradičného hodnotenia príbuznosti a príbuzenskej plemenitby spolu s možnosťou tvorby a praktických operácií s rodokmeňmi hodnotených jedincov.

Programový balík obsahuje aj pomerne veľké množstvo vzorových rodokmeňových údajov vychádzajúcich z prác najvýznamnejších tvorcov metodík a postupov hodnotenia príbuznosti zvierat, ktoré sú dobrou pomôckou pri aplikáciách a analýzach vlastných údajov (Falconer, Mackay, 1996, Mrode, 2005).

Podobne sa používa aj programový balík **gggroups** (Pedigree and Genetic Groups) pomocou ktorého môžeme vypočítať matice aditívnych a dominantných genetických vzťahov. Obsahuje funkcie na kontrolu a spracovanie rodokmeňov, výpočet koeficientov príbuzenskej plemenitby (Meuwissen, Luo, 1992), ako aj funkcie na výpočet matíc príspevkov genetických skupín (Quaas, 1988). Pre výpočet genetických skupín existujú výpočtovo optimalizované funkcie, ktoré sa využívajú hlavne pri rozsiahlych rodokmeňových informáciách.

Hodnotenie príbuznosti, príbuzenskej plemenitby a heterozygotnosti na základe genetických márkero (mikrosatelity, SNP márkery) je možné uskutočniť pomocou programového balíka **inbreedR** (Analysing Inbreeding Based on Genetic Markers).

Programový balík umožňuje vypočítať korelácie medzi heterozygotnosťou (h) a odolnosťou (W), čo zohľadňuje súčasný vplyv úrovne príbuzenskej plemenitby (f) pri oboch. Korelácia heterozygotnosti a odolnosti (HFC, Heterozygosity-Fitness Correlation) je súčinom dvoch korelácií, ktoré možno popísať rovnicou: $r(W, h) = r(W, f) \cdot r(h, f)$.

Základom hodnotenia inbrídingu (príbuzenskej plemenitby) na základe genetických markerov je tzv. g_2 štatistika, ktorá odhaduje koreláciu heterozygotnosti medzi markermi, ktorú nazývame nerovnováha identity (ID, identity disequilibrium), (Slate et. al., 2004, Szulkin, M., Bierne, N., David, P., 2010).

Praktické použitie programu R (R Studio)

6. úloha (program R) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (vzorové údaje 2.1)

V tabuľkách 2.6a a 2.6b uvádzame zadania úlohy 6 s využitím programových balíkov Pedigreemm a GeneticsPed. Pre potreby analýzy vzorových rodokmeňov v programe R boli rodokmeňové údaje uložené v excelovskom súbore databázy projektu KEGA (subor_Mrode.xlsx). Z uvedeného súboru sa priamo importujú podľa jednotlivých pracovných hárkov do systému programu R resp. možnosť ich využitia pomocou aplikácie R Studio.

Tab. 2.6a

library(pedigreemm) # Hárok Pedigree1	library(pedigreemm) # Hárok Pedigree2
ped <- pedigree(sire = c(NA,NA,NA,NA,1,3,5), dam = c(NA,NA,NA,NA,2,4,6), label= 1:7) getA(ped)	ped <- pedigree(sire = c(NA,NA,NA,NA,1,3,5), dam = c(NA,NA,NA,NA,2,2,6), label= 1:7) getA(ped)
ped <- pedigree(sire = c(NA,NA,NA,NA,1,3,5), dam = c(NA,NA,NA,NA,2,4,6), label= 1:7) inbreeding(ped)	ped <- pedigree(sire = c(NA,NA,NA,NA,1,3,5), dam = c(NA,NA,NA,NA,2,2,6), label= 1:7) inbreeding(ped)

Tab. 2.6b

library(GeneticsPed) # Hárok Pedigree1	library(GeneticsPed) # Hárok Pedigree2
subor_Mrode\$dtB <- as.Date(subor_Mrode\$dtB) subor_Mrode <- Pedigree(x=subor_Mrode, subject="sub", ascendant=c("fat", "mot"), ascendantSex=c("M", "F"), family="fam", sex="sex", generation="gen", dtBirth="dtB")	subor_Mrode\$dtB <- as.Date(subor_Mrode\$dtB) subor_Mrode <- Pedigree(x=subor_Mrode, subject="sub", ascendant=c("fat", "mot"), ascendantSex=c("M", "F"), family="fam", sex="sex", generation="gen", dtBirth="dtB")
(A <- relationshipAdditive(subor_Mrode)) fractions(A) solve(A) inverseAdditive(subor_Mrode) relationshipAdditive(subor_Mrode) inbreeding(x=subor_Mrode)	(A <- relationshipAdditive(subor_Mrode)) fractions(A) solve(A) inverseAdditive(subor_Mrode) relationshipAdditive(subor_Mrode) inbreeding(x=subor_Mrode)

Pri použití programových balíkov sú uvádzané výsledky v jednoduchej textovej forme, ktorú je možné ale následne využiť v prezentačnej forme ako to bolo v prípade analýz v prostredí programu SAS a programu CFC.

Výsledky úlohy 6 (Pedigreemm)

Tab. 2.6c

7 x 7 sparse Matrix of class "dsCMatrix"	7 x 7 sparse Matrix of class "dsCMatrix"
1 2 3 4 5 6 7	1 2 3 4 5 6 7
1 1.00 . . . 0.5 . 0.25	1 1.00 . . . 0.500 . 0.250
2 . 1.00 . . . 0.5 . 0.25	2 . 1.0 . . . 0.500 0.500 0.500
3 . . 1.00 . . . 0.5 0.25	3 . . 1.00 . . . 0.500 0.250
4 . . . 1.00 . 0.5 0.25	4 . . . 1 . . .
5 0.50 0.50 . . . 1.0 . 0.50	5 0.50 0.5 . . . 1.000 0.250 0.625
6 . . 0.50 0.50 . 1.0 0.50	6 . 0.5 0.5 . 0.250 1.000 0.625
7 0.25 0.25 0.25 0.25 0.5 0.5 1.00	7 0.25 0.5 0.25 . 0.625 0.625 1.125
inbreeding(ped)	> inbreeding(ped)
[1] 0 0 0 0 0 0 0	[1] 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.125

Výsledky úlohy 6 (GeneticsPed)

Tab. 2.6d

relationshipAdditive(subor_Mrode,Hárok Pedigree1)								relationshipAdditive(subor_Mrode, Hárok Pedigree2)							
S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7		S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	
S1	1.00	0.00	0.00	0.00	0.5	0.0	0.25	S1	1.00	0.0	0.00	0	0.500	0.000	0.250
S2	0.00	1.00	0.00	0.00	0.5	0.0	0.25	S2	0.00	1.0	0.00	0	0.500	0.500	0.500
S3	0.00	0.00	1.00	0.00	0.0	0.5	0.25	S3	0.00	0.0	1.00	0	0.000	0.500	0.250
S4	0.00	0.00	0.00	1.00	0.0	0.5	0.25	S4	0.00	0.0	0.00	1	0.000	0.000	0.000
S5	0.50	0.50	0.00	0.00	1.0	0.0	0.50	S5	0.50	0.5	0.00	0	1.000	0.250	0.625
S6	0.00	0.00	0.50	0.50	0.0	1.0	0.50	S6	0.00	0.5	0.50	0	0.250	1.000	0.625
S7	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.5	1.00	S7	0.25	0.5	0.25	0	0.625	0.625	1.125
Inbreeding								Inbreeding							
F	0	0	0	0	0	0	0	F	0	0	0	0	0	0	0.125

Výsledky uskutočnených analýz sú úplne identické s riešeniami úloh v predchádzajúcich analýzach.

7. úloha (program R) - hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby (vzorové údaje 2.2)

Analýzu hodnotenia príbuznosti a príbuzenskej plemenitby v skupine ošípaných uskutočnite bez možnosti selektívneho párenia dvojíc a s možnosťou selektívneho párenia dvojíc jedincov (použite programový balík GeneticsPed v rovnakej forme a zadani pri oboch analýzach). V tabuľke 2.7a uvádzame zadanie a nastavenie analýzy.

Tab. 2.7a

library(GeneticsPed) #Hárok Swine1 # bez selektívneho párenia	library(GeneticsPed) #Hárok Swine2 # doplnené tri dvojice selektívneho párenia
subor_Mrode\$dtB <- as.Date(subor_Mrode\$dtB) subor_Mrode <- Pedigree(x=subor_Mrode, subject="sub", ascendant=c("fat", "mot"), ascendantSex=c("M", "F"), family="fam", sex="sex", generation="gen", dtBirth="dtB")	subor_Mrode\$dtB <- as.Date(subor_Mrode\$dtB) subor_Mrode <- Pedigree(x=subor_Mrode, subject="sub", ascendant=c("fat", "mot"), ascendantSex=c("M", "F"), family="fam", sex="sex", generation="gen", dtBirth="dtB")
(A <- relationshipAdditive(subor_Mrode)) fractions(A) solve(A) inverseAdditive(subor_Mrode) relationshipAdditive(subor_Mrode) inbreeding(x=subor_Mrode)	(A <- relationshipAdditive(subor_Mrode)) fractions(A) solve(A) inverseAdditive(subor_Mrode) relationshipAdditive(subor_Mrode) inbreeding(x=subor_Mrode)

Výsledky úlohy 7 (GeneticsPed)

Bez selektívneho párenia boli identifikované 4 inbrédne zvieratá (S5, S8, S9 a S10; hodnoty $F = 0.2500, 0.0625, 0.0625, 0.2500$).

So selektívnym párením bolo identifikovaných 6 inbrédnych jedincov. 4 zvieratá sú identické ako bez selektívneho párenia ale dve (zvíra S13 a zvíra S14) patria do skupiny selektívneho párenia a dosiahli hodnoty $F 0.3750000$ pre jedinca S13 a 0.1953125 pre jedinca S14, čo predstavuje pomerne veľké riziko problematickej plemenitby. Pri jednej selektívnej dvojici, ktorá vytvára možného jedinca S7 nebola zistená príbuzenská plemenitba. Táto kombinácia jedincov by mohla byť použitá bez rizika negatívnych prejavov príbuzenskej plemenitby v rozmnožovaní.

V tabuľke 2.7b uvádzame podrobné výsledky oboch analýz.

Tab. 2.7b

bez selektívneho párenia	so selektívnym párením
Hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby:	Hodnotenie príbuznosti a príbuzenskej plemenitby:

Zdroje a zoznam použitej literatúry

- Caballero, A. and Toro, M. A. 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetical Research* 75: 331-343.
- Colleau, J. J. 2002. An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients. *Genetics Selection Evolution* 34: 409-421.
- David, P., Pujol, B., Viard, F., Castella, V. and Goudet, J. (2007), Reliable selfing rate estimates from imperfect population genetic data. *Molecular Ecology*, 16: 2474
- Falconer, D. S., and Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Harlow, UK: Longman.
- Kempthorne, O. (1957). *An Introduction to Genetic Statistics*. New York: John Wiley & Sons.
- Hoffman, J.I., Simpson, F., David, P., Rijks, J.M., Kuiken, T., Thorne, M.A.S., Lacey, R.C. & Dasmahapatra, K.K. (2014) High-throughput sequencing reveals inbreeding depression in a natural population. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 111: 3775-3780.
- Quaas, R. L. 1976. Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. *Biometrics* 32: 949-953.
- Sargolzaei, Mehdi & Iwaisaki, H. & Colleau, J.J.. (2006). CFC: A tool for monitoring genetic diversity. *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. 27-28.
- Sargolzaei, M. and Colleau, J. J. 2006. Decomposing inbreeding and coancestry into ancestral components. *The 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil, August 13-18, 2006*.
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. and Colleau, J. J. 2005. A fast algorithm for computing inbreeding coefficients in large populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 122: 325-331.
- Sonesson, A. K. and Meuwissen, T. H. E. 2000. Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. *Genetics Selection Evolution* 32: 231- 248.
- Slate, J., David, P., Dodds, K. G., Veenvliet, B. A., Glass, B. C., Broad, T. E., & McEwan, J. C. (2004). Understanding the relationship between the inbreeding coefficient and multilocus heterozygosity: theoretical expectations and empirical data. *Heredity*, 93(3), 255-265.
- Szulkin, M., Bierne, N., & David, P. (2010). HETEROZYGOSITY-FITNESS CORRELATIONS: A TIME FOR REAPPRAISAL. *Evolution*, 64(5), 1202-1217.
- Wright, S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationships. *The American Naturalist* 56: 330-338.