

OBSAH**Charakteristika a význam ukazovateľov biodiverzity v populáciách hospodárskych zvierat**

Vzorové údaje (rodokmeňová analýza) - príklad 3.1

Vzorové údaje (molekulárno - genetická analýza) - príklad 3.2

Vzorové údaje (vizualizácia dendrogramu v programe E) - príklad 3.3

Praktické použitie programu Endog (Endog 4.8)

1. úloha (Endog 4.8)

Načítanie rodokmeňového súboru

Kvalita rodokmeňových údajov

Ukazovatele odvodené od spoločného predka a ich interpretácia

2. úloha (Endog 4.8)

Ukazovatele odvodené od pôvodu génu a ich interpretácia

Odhad straty genetickej diverzity

Praktické použitie programu Genalex (Excel - GenAlEx 6.5)

1. úloha (Excel - GenAlEx 6.5)

Načítanie súboru genepop

Ukazovatele vnútro populačnej diverzity a ich interpretácia

Ukazovatele medzipopulačnej diverzity a ich interpretácia

2. úloha (Excel - GenAlEx 6.5)

Neiove genetické vzdialenosti a F_{ST} index a ich interpretácia

Analýza hlavných komponentov

Praktické použitie programu R (R Studio)

1. úloha (Program R studio)

Grafické znázornenie Neiových genetických vzdialeností medzi populáciami

2. úloha (Program R studio)

Grafické znázornenie vzťahov medzi populáciami pomocou Wrightovho F_{ST} indexu

Zdroje a zoznam použitej literatúry

Charakteristika a význam ukazovateľov biodiverzity v populáciách hospodárskych zvierat

Biodiverzita alebo biologická rozmanitosť vyjadruje variabilitu všetkých žijúcich organizmov vrátane suchozemských, morských a iných vodných ekosystémov a ekologických komplexov, ktorých sú súčasťou. Pojem biodiverzita teda označuje rozmanitosť života vo všetkých jeho formách, na všetkých úrovniach, od genetických variant prislúchajúcich k rovnakému druhu, až po rozmanitosť ekosystémov, zahŕňajúcich ekologické spoločenstvá v danej lokalite a podmienky, v ktorých žijú.

Biodiverzitu v populáciách živočíšnych genetických zdrojov (ŽGZ) možno kvantifikovať viacerými spôsobmi a to na fenotypovej alebo genotypovej úrovni (morfológická, cytologická, biochemická, chromozomálna diverzita alebo diverzita na úrovni sekvencií DNA). Charakteristika fenotypu vyplýva z pozorovateľných vlastností (morfológické markery), ktoré sa zvyčajne vzťahujú na znaky exteriéru zvierat (farba srsti, tvar tela, štruktúru pokožky, anatomické znaky a pod.), pričom tieto možno zhodnotiť na základe priameho vizuálneho pozorovania a merania. Avšak fenotyp zvierat je determinovaný jeho genetickým pozadím ako aj prostredím, v ktorom žije. Na genotypovej úrovni sa preto biodiverzita kvantifikuje prostredníctvom rodokmeňových údajov alebo molekulo-genetických informácií. Analýzou týchto informácií je možné relevantne zhodnotiť vzťahy medzi populáciami ŽGZ (plemenami, líniami, rodinami a pod.) ako aj mieru diverzity v rámci nich. Keďže meranie a identifikácia morfológických znakov zvierat je pomerne zdĺhavý proces, limitovaný najmä v prípade kvantitatívnych znakov, sú v súčasnosti na kvantifikáciu biodiverzity omnoho častejšie využívané rodokmeňová a najmä molekulo-genetická analýza biodiverzity ŽGZ (Kadlečík, Kasarda a Moravčíková, 2017).

V prípade rodokmeňovej analýzy sa stanovujú tri základné skupiny ukazovateľov:

1. kvalita rodokmeňových záznamov,
2. ukazovatele odvodené od spoločného predka a efektívna veľkosť populácie,
3. ukazovatele odvodené na základe pravdepodobnosti pôvodu génu.

Do prvej skupiny ukazovateľov, ktoré popisujú mieru presnosti rodokmeňových záznamov, sa zaraďujú počet kompletných generácií predkov (kompletné zastúpenie predkov v generáciách), maximálny počet zistených generácií predkov (počet generácií oddeľujúcich jedinca od jeho najvzdialenejšieho predka) a index kompletnosti rodokmeňa (PEC). PEC sa stanovuje podľa vzorca $PEC = \frac{2C_o C_m}{C_o + C_m}$, kde C_o a C_m sú príspevky z otcovskej a materskej línie jednotlivo ($C = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i$, pričom a_i je podiel známych predkov v generácii i a d je počet započítaných generácií) (MacCluer et al., 1983).

Medzi ukazovatele odvodené od spoločného predka patria koeficient inbrídingu resp. príbuzenskej plemenitby (F), koeficient príbuznosti (R - medzi dvomi jedincami X a Y , ako aj predkom a potomkom alebo AR ako priemerný koeficient príbuznosti jedinca resp. populácie) a prírastok inbrídingu (ΔF). F vyjadruje pravdepodobnosť, že jedinec nesie dve identické alely jedného génu pochádzajúce od rovnakého predka (IBD) a možno ho vypočítať ako $F_x = \sum 0,5^{n1+n2+1} (1 + F_a)$, kde $n1$ je počet generácií (úsekov) od jedinca X k spoločnému predkovi na strane otca, $n2$ je počet generácií (úsekov) od jedinca X k spoločnému predkovi na strane matky a F_a je koeficient intenzity príbuzenskej plemenitby spoločného predka (Wright, 1951). ΔF charakterizuje zvýšenie koeficienta inbrídingu v generácii potomkov oproti rodičovskej generácii. Prírastok inbrídingu možno stanoviť ako $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$, kde F_t a F_{t-1} je priemerná hodnota inbrídingu v i -tej generácii (Meuwissen a Luo, 1992). Koeficient príbuznosti (R alebo AR) vyjadruje genetickú podobnosť medzi dvoma náhodne vybranými jedincami z populácie a možno ho stanoviť ako koreláciu medzi takýmito jedincami ako $R_{xy} = \frac{\sum 0,5^{n1+n2}(1+F_A)}{(1+F_X)(1+F_Y)}$, kde $n1$ je počet úsekov od spoločného predka k jedincovi X , $n2$ je počet úsekov od toho istého spoločného predka k jedincovi Y , F_A je koeficient inbrídingu spoločného predka, ktorý sa počíta len v prípade, ak bol spoločný predok sám produktom inbrídingu. F_X a F_Y sú koeficienty inbrídingu jedincov X a Y , ktoré sa počítajú len v prípade, ak jedince X a Y vznikli príbuzenskou plemenitbou (Wright, 1922). Efektívnou veľkosťou populácie (N_e) sa rozumie počet zvierat, ktoré by sa vedeli vyrovnáť s vypočítanou stratou heterozygotnosti, inbrídingom, alebo varianciou v génových frekvenciách, keby sa správali spôsobom idealizovanej populácie. N_e je teoretický koncept popisujúci danú populáciu v zmysle jej genetickej veľkosti. Na základe prírastku inbrídingu možno odhadnúť efektívnu veľkosť populácie ako $N_e = \frac{1}{2\Delta F}$ (Wright, 1931; Boichard et al., 1997).

Medzi ukazovatele odvodené na základe pravdepodobnosti pôvodu génu patria počet základných predkov (f) a efektívny počet základných predkov (f_e), počet predkov, efektívny počet predkov (f_a) a efektívny počet genómov základných predkov (f_g). Za základného predka sa považuje jedinec s neznámou genetickou príbuznosťou ku ktorémukoľvek zvieratú v rodokmeni, s výnimkou jeho potomkov. Efektívny počet základných predkov predstavuje počet rovnako prispievajúcich základných predkov, od ktorých by sa očakávalo, že budú vytvárať rovnakú genetickú diverzitu ako v sledovanej populácii. Vypočíta sa pomocou vzťahu $f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$, kde q_k predstavuje očakávaný príspevok základného predka k (Lacy, 1989). Efektívny počet predkov (f_a) vyjadruje minimálny počet predkov (nejedná sa výlučne o zakladateľov), ktorý vysvetľuje úplnú genetickú diverzitu populácie. Vypočíta sa ako $f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^f p_k^2}$, kde p_k predstavuje marginálny príspevok predka k , teda genetický príspevok jedinca po korekcii na príspevky ďalších predkov

(Boichard et al., 1997). Efektívny počet genómov základných predkov vysvetľuje nerovnaké príspevky základných predkov, zúženie rodokmeňov a náhodnú stratu alel v dôsledku genetického driftu. Je definovaný podobne ako efektívny počet základných predkov s tým rozdielom, že genetický príspevok l -tého základného predka v hodnotenej populácii (q_i) je modifikovaný podielom génov základných predkov, ktorí sa našli v hodnotenej generácii (r_i) $f_g = \left[\sum_{i=1}^{N_f} \frac{q_i^2}{r_i} \right]^{-1}$ (Lacy, 1989; Boichard et al., 1997). Ak sú známe hodnoty f_e a f_g , potom možno mieru celkovej genetickej diverzity v populácii odhadnúť podľa vzťahu $GD = 1 - \frac{1}{2f_g}$ a genetickej diverzity reflektujúcej nerovnaké príspevky základných predkov ako $GD^* = 1 - \frac{1}{2f_e}$ (Lacy, 1995). Celková strata genetickej diverzity v populácii je rovná $1 - GD$ a strata v dôsledku nerovného príspevku základných predkov $1 - GD^*$. Strata v dôsledku pôsobenia genetického driftu na genofond populácie sa odhadne ako $GD^* - GD$ (Caballero a Toro, 2000).

Pri molekulovo-genetickej analýze sa hodnotia najčastejšie nasledovné parametre:

1. diverzita v rámci populácií a medzi nimi: frekvencie alel a genotypov, priemerný počet alel alebo alelická diverzita (viacalelové markery), efektívny počet alel, pozorovaná a očakávaná heterozygotnosť, Wrightova F-štatistika,
2. genetická diferenciácia: Neiove genetické vzdialenosti, Wrightov fixačný index F_{ST} , analýza molekulovej variancie, analýza hlavných komponentov.

V prípade kodominantného typu dedičnosti sa frekvencie alel p (dominantná) a q (recesívna) vypočítajú pomocou vzťahov $p = \frac{2AA+AB}{2N}$ a $q = \frac{2BB+AB}{2N}$, kedy AA , AB a BB vyjadrujú počet jedincov s príslušným genotypom polymorfného lokusu a N je celkový počet jedincov v hodnotenej populácii. Za predpokladu platnosti Hardy-Weinbergovho zákona sa potom frekvencia výskytu AA homozygotov vypočíta ako p^2 , frekvencia výskytu heterozygotov AB ako $2pq$ a frekvencia výskytu BB homozygotov ako q^2 . Alelická diverzita (A_r) je definovaná ako priemerný počet alel na lokus. Efektívny počet alel (A_e) vyjadruje odhad počtu alel s rovnakou frekvenciou ako v ideálnej populácii a na jeho výpočet možno použiť vzorec $A_e = \frac{1}{1 - H_e}$, kde H_e vyjadruje očakávanú heterozygotnosť. Pozorovanú heterozygotnosť možno vyjadriť vzťahom $H_o = \frac{N_{hi}}{N}$, kde N_{hi} je počet jedincov z celkového počtu N , ktorí sú heterozygotní na i -tom lokuse. Očakávanú heterozygotnosť nazývanú aj génová diverzita je možné pre jeden lokus vypočítať pomocou vzťahu $H_e = 1 - \sum_{i=1}^k p_i^2$, kedy p_i je frekvencia i -tej alely z k alel. Stratu genetickej variability, vyjadrenú rozdielmi medzi pozorovanou a očakávanou heterozygotnosťou, v rámci celkovej populácie (metapopulácii) a tiež samostatných subpopulácií, je možné vyjadriť aj pomocou F-štatistiky (Wright, 1931, 1951). Pre hodnotenie sa používajú tri fixačné indexy: F_{IS} (jedince v rámci subpopulácií), F_{ST} (medzi subpopuláciami) a F_{IT} (jedince v metapopulácii). F_{IS} vyjadruje rozdiel medzi priemernou

pozorovanou a očakávanou heterozygotnosťou v jednotlivých subpopuláciách v dôsledku zámerného párenia a vyjadruje sa vzťahom $F_{IS} = \frac{H_S - H_I}{H_S}$, kedy H_S je priemerná očakávaná heterozygotnosť subpopulácií a H_I predstavuje priemernú pozorovanú heterozygotnosť v jednotlivých subpopuláciách. F_{ST} index je mierou vplyvu rozdelenia resp. fragmentácie populácie, ktorá je vyjadrená znížením heterozygotnosti v subpopuláciách na základe genetického driftu a zároveň slúži na posúdenie celkových genetických rozdielov medzi subpopuláciami. F_{ST} index sa vypočíta ako $F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$, kde H_T je očakávaná heterozygotnosť celej populácie a H_S je priemerná očakávaná heterozygotnosť subpopulácií. F_{IT} index sa používa menej často a vyjadruje celkový koeficient inbrídingu (F) medzi jedincami v pomere k celkovej populácii (jedince v rámci metapopulácie) $F_{IT} = \frac{H_T - H_I}{H_T}$, kedy H_T vyjadruje očakávanú heterozygotnosť metapopulácie a H_I priemernú pozorovanú heterozygotnosť v jednotlivých subpopuláciách (Weir a Cockerham, 1984).

Na odhad genetickej podobnosti (molekulárny ekvivalent koeficienta príbuznosti) medzi populáciami sa pomerne často využíva výpočet Neiovej genetickej vzdialenosti (na medzipopulačnej aj individuálnej úrovni) a Wrightovho fixačného indexu F_{ST} (na medzipopulačnej úrovni). Neiova genetická vzdialenosť vychádza z teórie, ktorá predpokladá, že ak sú dve populácie vykazujúce nízke genetické vzdialenosti podobné, tak s vysokou mierou spoľahlivosti majú spoločných predkov. Neiove genetické vzdialenosti sa počítajú na základe vzťahu $D = -\ln I$, kde I je normalizovaná zhoda génov (alebo genetická zhoda) medzi populáciou X a Y .

Analýza molekulovej variancie (AMOVA) je štatistická metóda pre hodnotenie molekulovej variancie vytvorená Excoffierom et al. (1992), ktorá umožňuje zhodnotenie hierarchického rozdelenia genetickej variability medzi populáciami a regiónmi a odhad indexov F štatistiky. Názov a štatistický model je inšpirovaný analýzou rozptylu (ANOVA). Analýza AMOVA slúži na odhad rozptylu jednotlivých komponentov, analógov fixačných indexov (F_{IS} , F_{ST} a F_{IT}), vypočítaných na základe φ štatistiky reflektujúcej koreláciu diverzity haplotypov na rozdielnych úrovniach alebo inak povedané hierarchického rozdelenia.

Analýza hlavných komponentov (PCA) je pravdepodobne najpopulárnejšia viacrozmerná štatistická metóda, ktorá našla využitie vo väčšine vedných odborov vrátane genetiky populácií. PCA analýza predstavuje spôsob pre znázornenie nadrozmerných dát, napríklad genotypových informácií o jedincoch alebo populáciách, v menšom počte dimenzií. Táto analýza sa stala populárnou najmä ako nástroj pre sumarizáciu rozsiahlych genomických dát, pretože poskytuje náhodné premenné, ktoré by mohli zlepšiť informáciu o populačnej štruktúre, hlavne prostredníctvom detekcie hlavných faktorov vysvetľujúcich genetickú variabilitu v populáciách s veľkým počtom jedincov. PCA analýza využíva ortogonálnu transformáciu na to, aby previedla prvky množiny pozorovaní, u ktorých je možné, že sú korelované, na prvky takej množiny hodnôt,

ktoré sú lineárne nekorelované. Pôvodné premenné sú teda transformované do nových nezávislých premenných nazývaných hlavné alebo základné komponenty. Hlavné komponenty tak môžu byť využité na hodnotenie variability meraní, ako aj v procese zvyšovania chápania štrukturálnych vzťahov ako celku namiesto viacerých úsekov a nezávislých vzťahov (Kadlečík, Kasarda a Moravčíková, 2017).

Vzorové údaje (rodokmeňová analýza) - príklad 3.1 (zdroj: vzorová databáza údajov programu Endog 4.8; Gutiérrez a Goyache, 2005)

V rámci výučby predmetu Biodiverzita v populáciách hospodárskych zvierat sú používané vzorové rodokmeňové súbory (RS) rôznych plemien hospodárskych a spoločenských druhov zvierat (hovädzí dobytok, ovce, kone, psy), obsahujúce záznamy o základných predkoch, predkoch a jedincoch aktuálnej populácie (označovaná ako referenčná populácia alebo RP). Program Endog 4.8 akceptuje výlučne vstupný súbor uložený vo formáte **.xls**.

Vstupný súbor údajov **ENDOG_example_input_file.xls** obsahuje nasledovné informácie:

ID	Identifikačné číslo jedinca v rodokmeňovom súbore (musia byť vždy zoradené od 1 po N)
ID_FATHER	Identifikačné číslo otca jedinca v stĺpci ID (0 pre označenie neznámeho otca)
ID_MOTHER	Identifikačné číslo matky jedinca v stĺpci ID (0 pre označenie neznámej matky)
BIRTH_DATE	Dátum narodenia jedinca v stĺpci ID (pri neznámom dátume narodenia ostáva bunka prázdna)
S	Pohlavie jedinca v stĺpci ID (1 pre samce a 2 pre samice)
REFERENCE	Príslušnosť jedinca k referenčnej populácii (1 pre jedince z referenčnej populácie a 0 pre jedince, ktoré do referenčnej populácie nepatria)

Obrázok 3.1: Vzor rodokmeňového súboru (10 záznamov)

ID	ID_FATHER	ID_MOTHER	BIRTH_DATE	SEX	REFERENCE
1	0	0	13.2.1952	2	0
2	0	0	13.2.1952	2	0
3	0	0	13.2.1952	2	0
4	0	0	12.2.1953	1	0
5	0	0	12.2.1954	2	0
6	0	0	13.2.1956	2	0
7	0	0	13.2.1956	1	0
8	0	0	13.2.1956	2	0
9	0	0	13.2.1956	1	0
10	0	0	12.2.1957	1	0

Vzorové údaje (molekulárno - genetická analýza) - príklad 3.2

V rámci výučby predmetu Biodiverzita v populáciách hospodárskych zvierat sú okrem rodokmeňových súborov na hodnotenie biodiverzity využívané aj vzorové genotypové informácie o mikrosatelitných markeroch resp. jednonukleotidových polymorfizmoch, dostupné pre rôzne plemená hovädzieho dobytku. Vstupné informácie pre program GenAlEx 6.5 sú uložené v textovom súbore vo formáte označovanom ako **genepop**. Na obrázku 3.2 sú znázornené vzorové genotypové informácie pre dva genetické markery, ktoré boli testované v dvoch populáciách,

príčom v každej sú dostupné genotypy pre 3 jedince. Prvý riadok obsahuje ľubovoľnú informáciu (napr. označenie testovaného druhu), nasledujúce dva riadky obsahujú informáciu o označení testovaných genetických markerov, riadok POP sa používa na oddelenie jedincov patriacich do rôznych populácií (je uvedený aj v prípade ak je hodnotená iba jedna populácia). Nasledujúce tri riadky obsahujú informácie o identifikačnom čísle jedincov (ID) patriacich k prvej populácii a ich genotypoch. Ako oddeľovač ID jedinca od genotypov sa používa vždy čiarka a medzera. Informácie o genotypoch testovaných genetických markerov sú usporiadané vždy v stĺpcoch oddelených medzerou (v niektorých prípadoch tabulátorom). Genotypy sú vždy zakódované číselne, pričom v príklade uvedenom nižšie je každá z alel v genotype kódovaná dvojciferným číslom.

Obrázok 3.2: Vzor genotypového súboru obsahujúceho informácie pre dva genetické markery, genotypované v 2 populáciách

```

dobytok
loci1
loci2
POP
SK368, 0101 0102
SK832, 0102 0101
SK969, 0202 0202
POP
CZ123, 0102 0102
CZ124, 0102 0202
CZ125, 0101 0202

```

Vzorové údaje (vizualizácia dendrogramu v programe R) - príklad 3.3

Pre vizualizáciu genetických vzťahov medzi hodnotenými populáciami hovädzieho dobytká pomocou programu R je potrebné vypočítať maticu Neiových genetických vzdialeností resp. fixačného indexu F_{ST} pomocou programu Genalex a následne túto uložiť v textovom formáte (.txt) do ľubovoľného priečinka (Obr. 3.3).

Obrázok 3.3: Vzor matice genetických vzdialeností odvodenej od fixačného indexu F_{ST}

```

0.000
0.163  0.000
0.112  0.192  0.000
0.110  0.193  0.081  0.000
0.178  0.062  0.186  0.198  0.000
0.212  0.116  0.201  0.212  0.111  0.000
0.231  0.187  0.235  0.245  0.180  0.211  0.000
0.259  0.190  0.267  0.253  0.206  0.231  0.187  0.000
0.218  0.164  0.203  0.197  0.153  0.165  0.123  0.157  0.000
0.168  0.084  0.176  0.210  0.072  0.103  0.205  0.218  0.180  0.000

```

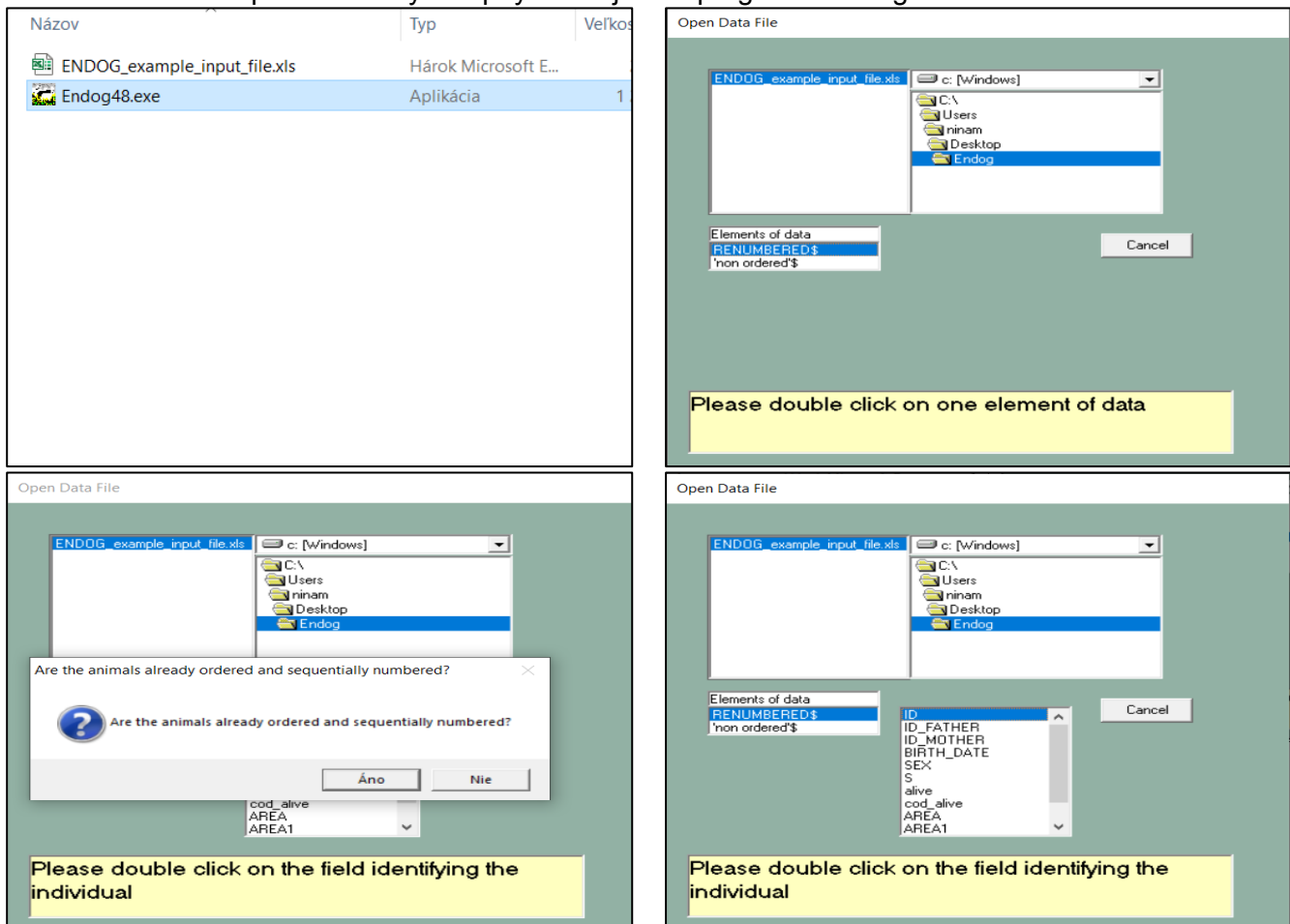

Praktické použitie programu Endog (Endog 4.8)

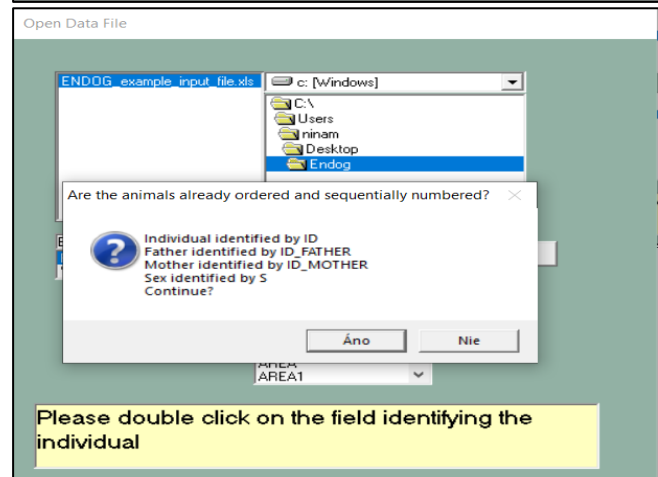
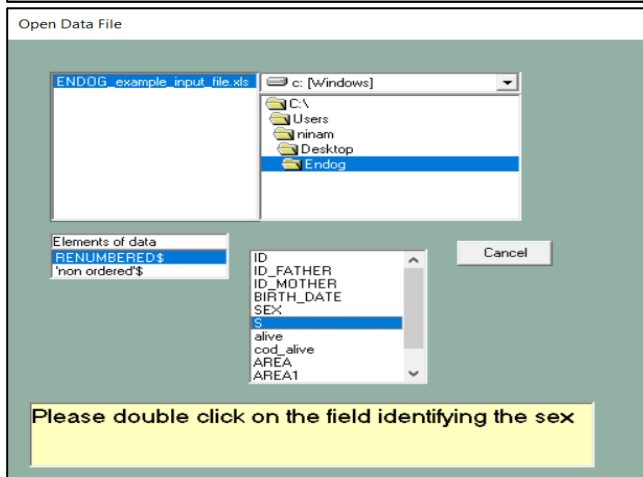
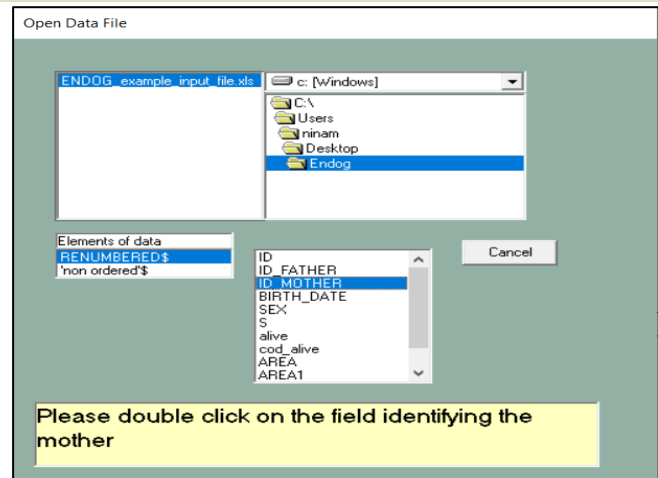
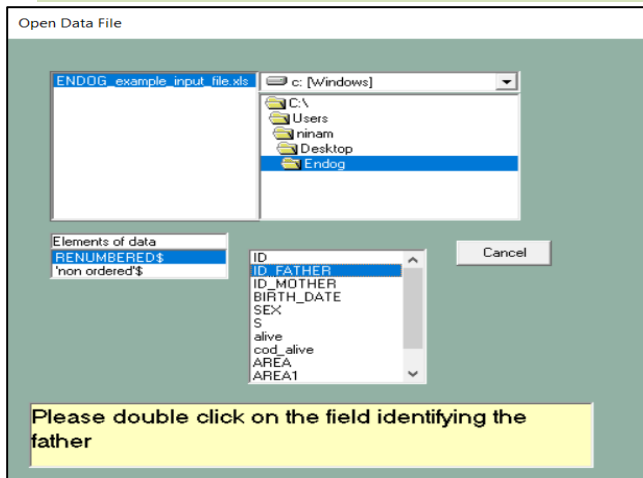
1. úloha (Endog 4.8)

Načítanie rodokmeňového súboru

Pre načítanie rodokmeňového súboru do programu Endog 4.8 otvorte program prostredníctvom ikony programu (v priečinku so vstupným súborom musí byť vždy aj spustiteľný súbor programu Endog 4.8) a vyberte databázu so vstupnými údajmi vo formáte .xls a následne hárok s rodokmeňovými údajmi, v tomto prípade označený ako RENUMBERED (Obr. 3.4). Potvrďte, že jedinci v stĺpci ID sú usporiadaní sekvenčne, t. j. od 1 po N a vyberte jednotlivé stĺpce označujúce otca (ID_FATHER), matku (ID_MOTHER) a pohlavie jedinca (S). Na záver znova potvrďte vami zadané informácie v predchádzajúcich krokoch.

Obrázok 3.4: Import databázy vstupných údajov do programu Endog 4.8





Kvalita rodokmeňových údajov

Po načítaní vstupných údajov program Endog 4.8 automaticky vygeneruje tabuľku označenú ako Midef (Obr. 3.6). V prvých troch stĺpcoch tabuľky (Animal, Father, Mother) sú uvedené identifikačné čísla jedincov v rodokmeňovom súbore ako aj identifikačné čísla ich otca a matky. Zároveň táto tabuľka obsahuje hodnoty koeficienta inbrídingu jedincov v % (Inbreed.), priemernej príbuznosti v % (Aver. Relat.), maximálneho počtu zistených generácií predkov (Max. Gener.), počtu kompletných generácií predkov (Comp. Gener.), ekvivalentného počtu generácií (Equiv. Gener.), prírastku inbrídingu v % (J_AF) a počtu potomkov jedinca zaznamenaných v rodokmeňovom súbore (Offspring). Pre výpočet indexu kompletnosti rodokmeňov je potrebné použiť funkciu Pedigree content (Obr. 3.7), ktorá prepočíta kompletnosť rodokmeňov za jednotlivé generácie v rámci rodokmeňového súboru. Pre prepočet indexu kompletnosti rodokmeňov pre referenčnú populáciu je potrebné vybrať stĺpec identifikujúci jedince z referenčnej populácie, t. j. jedince, ktoré majú v stĺpci REFERENCE zadanú hodnotu 1. Program následne automaticky prepočíta parameter len za jedince patriace do referenčnej populácie.

Program Endog 4.8 výsledky všetkých analýz ukladá v rovnakom priečinku, v ktorom je umiestnený vstupný súbor aj spustiteľný súbor programu Endog 4.8 a to do nového súboru automaticky pomenovaného Gener.mdb. Pre konvertovanie tohto súboru do editovateľnej verzie pre program excel je potrebné použiť voľne dostupný online program MDB opener (www.mdbopener.com). Postup konvertovania súboru Gener.mdb na Gener.mdb.xls je znázornený na obrázku 3.8. Jednotlivé výstupy analýz sú uložené v samostatných hárkoch.

Obrazok 3.6: Tabuľka Midef automaticky generovaná programom Endog 4.8 po načítaní vstupnej databázy

ENDOG: A useful tool to analyze and manage small populations

File Population Individual Herds Help

Exit ENDOG

Pedigree, Inbreeding and Average Relatedness. You can choose the column to sort:

Animal	Father	Mother	Inbreed	Aver. Relat.	Max. Gener.	Comp. Gener.	Equiv. Ger.
1	0	0	0.00%	1.96%	0	0	0.00
2	0	0	0.00%	0.25%	0	0	0.00
3	0	0	0.00%	0.17%	0	0	0.00
4	0	0	0.00%	0.55%	0	0	0.00
5	0	0	0.00%	4.50%	0	0	0.00
6	0	0	0.00%	0.17%	0	0	0.00
7	0	0	0.00%	1.29%	0	0	0.00
8	0	0	0.00%	2.48%	0	0	0.00
9	0	0	0.00%	2.48%	0	0	0.00
10	0	0	0.00%	0.92%	0	0	0.00
11	0	0	0.00%	2.37%	0	0	0.00
12	0	0	0.00%	0.96%	0	0	0.00
13	0	0	0.00%	1.13%	0	0	0.00
14	0	0	0.00%	0.60%	0	0	0.00
15	0	0	0.00%	4.38%	0	0	0.00
16	4	0	0.00%	0.86%	1	0	0.50
17	0	0	0.00%	0.50%	0	0	0.00
18	0	0	0.00%	0.67%	0	0	0.00
19	0	0	0.00%	0.88%	0	0	0.00

Computing Recent Inbreeding Compute and write inferior triangular coancestry matrix to disk

Coancestry between individuals in reference population

Actual Menu: MAIN MENU Highly inbred matings GCI

ENDOG: A useful tool to analyze and manage small populations

File Population Individual Herds Help

Exit ENDOG

Pedigree, Inbreeding and Average Relatedness. You can choose the column to sort:

Comp. Gener.	Equiv. Gener.	JAF	Offspring
0	0.00	0.00%	4
0	0.00	0.00%	1
0	0.00	0.00%	0
0	0.00	0.00%	1
0	0.00	0.00%	2
0	0.00	0.00%	0
0	0.00	0.00%	2
0	0.00	0.00%	1
0	0.00	0.00%	1
0	0.00	0.00%	1
0	0.00	0.00%	2
0	0.00	0.00%	1
0	0.00	0.00%	1
0	0.00	0.00%	1
0	0.00	0.00%	1
0	0.00	0.00%	1
0	0.00	0.00%	1
0	0.00	0.00%	2
0	0.00	0.00%	1
0	0.00	0.00%	2

Computing Recent Inbreeding Compute and write inferior triangular coancestry matrix to disk

Coancestry between individuals in reference population

Actual Menu: MAIN MENU Highly inbred matings GCI

Obrazok 3.7: Výpočet indexu kompletnosti rodokmeňov pre rodokmeňový súbor a referenčnú populáciu

ENDOG: A useful tool to analyze and manage small populations

File Population Individual Herds Help

Inbreeding per Generation

Pedigree Content

Founders

Partial Inbreeding

Generation Intervals

Offspring Analysis

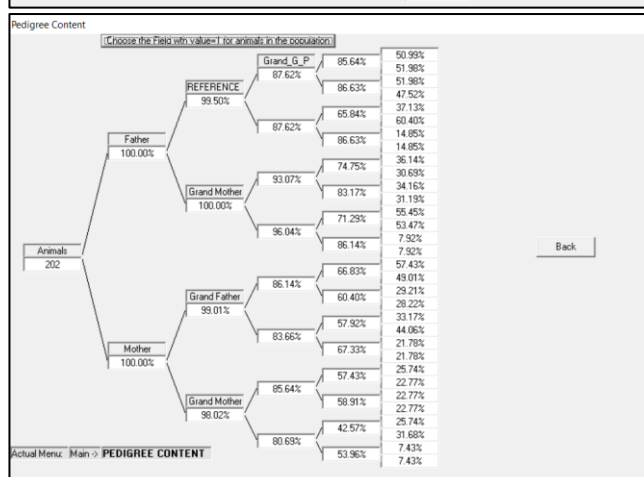
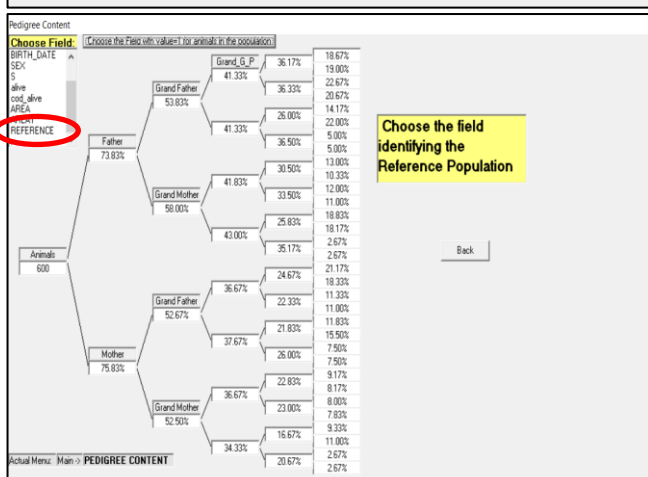
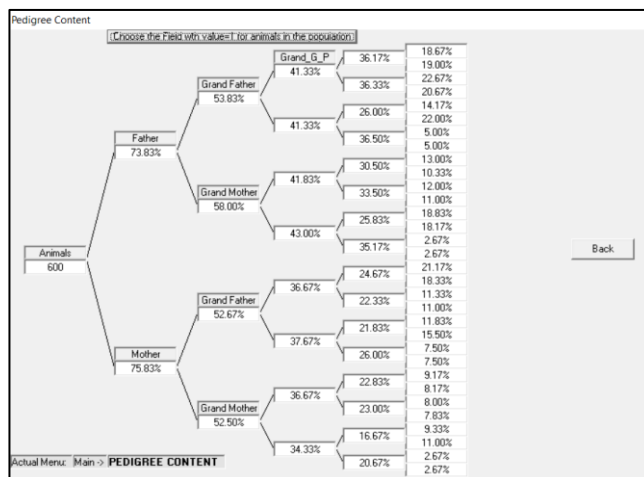
Subpopulations (Wright Fs Statistics)

Animal	Father	Mother	Inbreed	Aver. Relat.	Max. Gener.	Comp. Gener.	Equiv. Ger.
2	0	0	0.00%	1.96%	0	0	0.00
3	0	0	0.00%	0.25%	0	0	0.00
4	0	0	0.00%	0.17%	0	0	0.00
5	0	0	0.00%	0.55%	0	0	0.00
6	0	0	0.00%	4.50%	0	0	0.00
7	0	0	0.00%	0.17%	0	0	0.00
8	0	0	0.00%	1.29%	0	0	0.00
9	0	0	0.00%	2.48%	0	0	0.00
10	0	0	0.00%	2.48%	0	0	0.00
11	0	0	0.00%	0.92%	0	0	0.00
12	0	0	0.00%	2.37%	0	0	0.00
13	0	0	0.00%	0.96%	0	0	0.00
14	0	0	0.00%	1.13%	0	0	0.00
15	0	0	0.00%	0.60%	0	0	0.00
16	4	0	0.00%	4.38%	0	0	0.00
17	0	0	0.00%	0.86%	1	0	0.50
18	0	0	0.00%	0.50%	0	0	0.00
19	0	0	0.00%	0.67%	0	0	0.00
20	0	0	0.00%	0.88%	0	0	0.00

Computing Recent Inbreeding Compute and write inferior triangular coancestry matrix to disk

Coancestry between individuals in reference population

Actual Menu: MAIN MENU Highly inbred matings GCI



Obrázok 3.8: Konvertovanie súboru Gener.mdb na Gener.xls

The image shows two screenshots of the MDBopener.com website. The left screenshot shows the 'Upload a file' section where the file 'Gener.mdb' is selected. The right screenshot shows the 'Start' button highlighted. Below these is a screenshot of the 'Result' page showing download options for CSV and Excel files, with 'Gener.mdb.xls' highlighted. To the right is a table with 11 rows and 7 columns (ID, ID_FATHER, ID_MOTHER, S, J_F, J_AR, J_GenMa).

ID	ID_FATHER	ID_MOTHER	S	J_F	J_AR	J_GenMa
1	0	0	2	0.00E+00	1.86E-02	
2	0	0	2	0.00E+00	2.50E-03	
3	0	0	2	0.00E+00	1.67E-03	
4	0	0	1	0.00E+00	5.55E-03	
5	0	0	2	0.00E+00	4.50E-02	
6	0	0	2	0.00E+00	1.67E-03	
7	0	0	1	0.00E+00	1.29E-02	
8	0	0	2	0.00E+00	2.48E-02	
9	0	0	1	0.00E+00	2.48E-02	
10	0	0	1	0.00E+00	9.19E-03	
11	0	0	2	0.00E+00	2.37E-02	

Priemerne sa v rodokmeňovom súbore maximálny počet zistených generácií predkov a počet kompletných generácií predkov pohyboval na úrovni 3,59 a 1,32. V referenčnej populácii bol zistený vyšší priemerný maximálny počet známych generácií aj počet kompletných generácií (6,46 resp. 2,57). Výsledok je logický a zodpovedá faktu, že rodokmeňový súbor obsahuje všetky jedince vrátane základných predkov, ktorí nemajú známych rodičov. Priemerný index kompletnosti rodokmeňov bol podľa očakávania vyšší v referenčnej populácii (44,09%) ako v rodokmeňovom súbore (23,36%) a poukázal na skutočnosť, že v rámci zvyšujúceho sa počtu minulých generácií došlo súčasne k poklesu kompletnosti rodokmeňových údajov.

Ukazovatele odvodené od spoločného predka a ich interpretácia

Informácia o ukazovateľoch odvodených od spoločného predka je podobne ako pri kompletnosti rodokmeňových informácií obsiahnutá primárne v tabuľke MiDef. V testovanom rodokmeňovom súbore mal priemerne koeficient inbrídingu hodnotu 3,36% a v referenčnej populácii až 9,81%. Prírastok inbrídingu za generáciu bol podobne ako koeficient inbrídingu vyšší v referenčnej populácii ($\Delta F=3,30\%$) v porovnaní s rodokmeňovým súborom ($\Delta F=1,38\%$). Zistené priemerné hodnoty koeficienta príbuznosti korešpondovali s pozorovanou priemernou hodnotou koeficienta inbrídingu ($AR=4,02\%$ v RS a $AR=8,02\%$ v RP). V málopočetných populáciách hospodárskych zvierat sa z pohľadu významnej straty genetickej diverzity považuje za hraničnú hodnotu prírastku inbrídingu za generáciu 1% a v populáciách s väčším počtom jedincov 4%. Z uvedeného teda vyplýva, že v prípade hodnoteného súboru možno takúto populáciu považovať za významne ohrozenú stratou genetickej diverzity.

Ďalším významným ukazovateľom straty genetickej diverzity je efektívna veľkosť populácie. Na výpočet efektívnej veľkosti populácie v programe Endog 4.8 sa používa funkcia Inbreeding per Generation (Obr. 3.9). Použitím tejto funkcie program prepočíta jednak hodnoty koeficienta inbrídingu za jednotlivé generácie a súčasne efektívnu veľkosť populácie pre rodokmeňový súbor na základe prírastu inbrídingu za maximálny počet získaných generácií, za kompletne generácie a za ekvivalentný počet generácií. Pre prepočet efektívnej veľkosti pre referenčnú populáciu je potrebné vybrať stĺpec identifikujúci jedince z referenčnej populácie (Obr. 3.9).

Obrázok 3.9: Výpočet efektívnej veľkosti populácie

ENDOG: A useful tool to analyze and manage small populations

File Population Individual Herds Help

Inbreeding per Generation

Pedigree Content

Founders

Partial Inbreeding

Generation Intervals

Offspring Analysis

Subpopulations (Wright F_s Statistics)

You can choose the column to sort:

by:	Sort by:	Sort by:	Sort by:	Sort by:
breed	Aver. Relat	Max. Gener.	Comp. Gener.	Equiv. Ger

Generation	N ₂ Animals	Mean F	% Inbred	Average F for inbred	Mean Aver. Relat	Eff. Pop. Size
0	132	0.00%	0.00%		0.66%	61.4
1	61	0.00%	0.00%		1.34%	61.4
2	49	0.00%	0.00%		1.94%	61.4
3	44	0.71%	6.82%	10.42%	2.29%	70.4
4	50	1.63%	8.00%	20.31%	3.52%	54.2
5	54	5.62%	57.41%	9.79%	7.41%	12.3
6	98	6.26%	56.12%	11.19%	5.91%	71.4
7	96	8.82%	69.79%	12.64%	7.35%	18.4
8	7	19.98%	100.00%	19.98%	12.56%	4
9	9	17.44%	88.89%	19.62%	10.93%	4

Computing Recent Inbreeding

Compute and write inferior triangular coancestry matrix to disk

Coancestry between individuals in reference population

Actual Menu: MAIN MENU

Population Statistics on Average Inbreeding

Generation	N ₂ Animals	Mean F	% Inbred	Average F for inbred	Mean Aver. Relat	Eff. Pop. Size
0	132	0.00%	0.00%		0.66%	61.4
1	61	0.00%	0.00%		1.34%	61.4
2	49	0.00%	0.00%		1.94%	61.4
3	44	0.71%	6.82%	10.42%	2.29%	70.4
4	50	1.63%	8.00%	20.31%	3.52%	54.2
5	54	5.62%	57.41%	9.79%	7.41%	12.3
6	98	6.26%	56.12%	11.19%	5.91%	71.4
7	96	8.82%	69.79%	12.64%	7.35%	18.4
8	7	19.98%	100.00%	19.98%	12.56%	4
9	9	17.44%	88.89%	19.62%	10.93%	4

Generation	N ₂ Animals	Mean F	% Inbred	Average F for inbred	Mean Aver. Relat	Eff. Pop. Size
1	190	0.81%	5.26%	15.47%	2.49%	61.4
2	140	5.12%	51.43%	9.95%	5.36%	11.5
3	79	11.24%	91.14%	12.33%	9.84%	7.7
4	20	18.88%	100.00%	18.88%	12.08%	5.8
5	1	39.26%	100.00%	39.26%	13.27%	1.9

RESULTS RESUME:

Number of animals: 600
 Mean Inbreeding: 3.63%
 Mean Average Relatedness: 4.02%

Mean Maximum Generations: 3.60
 Increase in Inbreeding by Maximum Generation: 1.41% => Effective Population Size: 35.51
 Mean Complete Generations: 1.32
 Increase in Inbreeding by Complete Generation: 4.06% => Effective Population Size: 12.33
 Mean Equivalent Generations: 2.10
 Increase in Inbreeding by Equivalent Generation: 2.86% => Effective Population Size: 17.51

Actual Menu: Main > POPULATION STATISTICS ON INBREEDING Choose the field containing 1 for the reference population

Population Statistics on Average Inbreeding

Generation	N ₂ Animals	Mean F	% Inbred	Average F for inbred	Mean Aver. Relat	Eff. Pop. Size
0	132	0.00%	0.00%		0.66%	61.4
1	61	0.00%	0.00%		1.34%	61.4
2	49	0.00%	0.00%		1.94%	61.4
3	44	0.71%	6.82%	10.42%	2.29%	70.4
4	50	1.63%	8.00%	20.31%	3.52%	54.2
5	54	5.62%	57.41%	9.79%	7.41%	12.3
6	98	6.26%	56.12%	11.19%	5.91%	71.4
7	96	8.82%	69.79%	12.64%	7.35%	18.4
8	7	19.98%	100.00%	19.98%	12.56%	4
9	9	17.44%	88.89%	19.62%	10.93%	4

Generation	N ₂ Animals	Mean F	% Inbred	Average F for inbred	Mean Aver. Relat	Eff. Pop. Size
1	190	0.81%	5.26%	15.47%	2.49%	61.4
2	140	5.12%	51.43%	9.95%	5.36%	11.5
3	79	11.24%	91.14%	12.33%	9.84%	7.7
4	20	18.88%	100.00%	18.88%	12.08%	5.8
5	1	39.26%	100.00%	39.26%	13.27%	1.9

RESULTS RESUME:

Number of animals: 600
 Mean Inbreeding: 3.63%
 Mean Average Relatedness: 4.02%

Mean Maximum Generations: 3.60
 Increase in Inbreeding by Maximum Generation: 1.41% => Effective Population Size: 35.51
 Mean Complete Generations: 1.32
 Increase in Inbreeding by Complete Generation: 4.06% => Effective Population Size: 12.33
 Mean Equivalent Generations: 2.10
 Increase in Inbreeding by Equivalent Generation: 2.86% => Effective Population Size: 17.51

Choose Field:

BIRTH_DATE
 SEX
 S
 alive
 cod_alive
 AREA
 REFERENCE

Actual Menu: Main > POPULATION STATISTICS ON INBREEDING [Choose the field containing 1 for the reference population]

Population Statistics on Average Inbreeding

Generation	N ₂ Animals	Mean F	% Inbred	Average F for inbred	Mean Aver. Relat	Eff. Pop. Size
0	132	0.00%	0.00%		0.66%	61.4
1	61	0.00%	0.00%		1.34%	61.4
2	49	0.00%	0.00%		1.94%	61.4
3	44	0.71%	6.82%	10.42%	2.29%	70.4
4	50	1.63%	8.00%	20.31%	3.52%	54.2
5	54	5.62%	57.41%	9.79%	7.41%	12.3
6	98	6.26%	56.12%	11.19%	5.91%	71.4
7	96	8.82%	69.79%	12.64%	7.35%	18.4
8	7	19.98%	100.00%	19.98%	12.56%	4
9	9	17.44%	88.89%	19.62%	10.93%	4

Generation	N ₂ Animals	Mean F	% Inbred	Average F for inbred	Mean Aver. Relat	Eff. Pop. Size
1	190	0.81%	5.26%	15.47%	2.49%	61.4
2	140	5.12%	51.43%	9.95%	5.36%	11.5
3	79	11.24%	91.14%	12.33%	9.84%	7.7
4	20	18.88%	100.00%	18.88%	12.08%	5.8
5	1	39.26%	100.00%	39.26%	13.27%	1.9

RESULTS RESUME ON THE REFERENCE POPULATION:

Field REFERENCE = 1

Effective Population Size computed via individual increase in inbreeding: 15.1599
 s.d. = 3.3327
 No individuals = 202
 Effective Population Size computed via regression on equivalent generations = 6.5031
 Effective size obtained from Log regression on equivalent generations: 6.14
 Effective Population Size computed via individual increase in coancestry: 19.8579 s.d. = 1.3474
 No coancestries = 20301
 Effective Population Size computed via regression on equivalent generations = 6.5831
 Equivalent Subpopulations = 1.3099 s.d. = 0.3010

Actual Menu: Main > POPULATION STATISTICS ON INBREEDING [Choose the field containing 1 for the reference population]

V prípade hodnotenej databázy sa efektívna veľkosť pohybovala v rodokmeňovom súbore na úrovni 35,51 jedinca a v referenčnej populácii iba 15,16 jedinca. Efektívna veľkosť v podstate vyjadruje počet zvierat, ktoré sú reprodukčne aktívne a teda potenciálne môžu prenášať genetickú informáciu na potomkov v ďalšej generácii. Vo všeobecnosti sa ako minimálne efektívna veľkosť populácie uvádza 50 jedincov (málopočetné populácie zvierat chované napr. v zoo) resp. 100 jedincov v prípade populácií s väčším počtom zvierat. Z pohľadu trvalo udržateľného využívania živočíšnych genetických zdrojov je však uvádzaná hodnota až 400 jedincov. Na základe uvedeného teda možno konštatovať, že zistená hodnota efektívnej veľkosti potvrdzuje, že testovaná populácia je ohrozená stratou diverzity a do budúcnosti by bolo vhodné monitorovať vývoj ako koeficienta inbrídingu tak aj efektívnej veľkosti.

2. úloha (Endog 4.8)

Ukazovatele odvodené od pôvodu génu a ich interpretácia

Na výpočet ukazovateľov odvodených od pôvodu génu je potrebné použiť funkciu Founders (Obr. 3.10). Pomocou tejto funkcie program vygeneruje viacero výsledkov, vrátane počtu základných predkov (founders), počtu predkov (ancestors), efektívneho počtu základných predkov a predkov, kumulatívneho príspevku každého predka a počtu jedincov vysvetľujúcich 50% diverzity hodnoteného súboru. Primárne program uvedené parametre vypočíta pre rodokmeňový súbor, takže pre prepočet pre referenčnú populáciu je opätovne potrebné vybrať stĺpec identifikujúci jedince z referenčnej populácie (Obr. 3.10).

Obrázok 3.10: Výpočet ukazovateľov odvodených od pravdepodobnosti pôvodu génu

ENDOG: A useful tool to analyze and manage small populations

File Population Individual Herds Help

Inbreeding per Generation
Pedigree Content
Founders
Partial Inbreeding
Generation Intervals
Offspring Analysis
Subpopulations (Wright Fs Statistics)

You can choose the column to sort:

breed	Aves. Relat.	Max. Gener.	Comp. Gener.	Equiv. Gen.
1	1.86%	0	0	0.00
2	0.25%	0	0	0.00
3	0.00%	0.17%	0	0.00
4	0.00%	0.55%	0	0.00
5	0.00%	4.50%	0	0.00
6	0.00%	0.17%	0	0.00
7	0.00%	1.25%	0	0.00
8	0.00%	2.48%	0	0.00
9	0.00%	2.48%	0	0.00
10	0.00%	0.92%	0	0.00
11	0.00%	2.37%	0	0.00
12	0.00%	0.96%	0	0.00
13	0.00%	1.13%	0	0.00
14	0.00%	0.60%	0	0.00
15	0.00%	4.35%	0	0.00
16	4.00%	0.86%	1	0.50
17	0.00%	0.50%	0	0.00
18	0.00%	0.67%	0	0.00
19	0.00%	0.88%	0	0.00

Computing Recent Inbreeding
Compute and write inferior triangular coancestry matrix to disk
Coancestry between individuals in reference population

Actual Menu: MAIN MENU Highy inbred matings GCI

Founders and Ancestors Results

FOUNDER RESULTS OBTAINED FROM AVERAGE RELATEDNESS COEFFICIENTS

Size of Population: 600
Base Population (one or more unknown parents): 170 Actual Base Population (one unknown parent = half founder): 151.0
Effective Population Size of Founders: 67.79 Expected Inbreeding by unbalancing of founders contribution: 0.74% Computed Mean Inbreeding: 3.63%

ANCESTORS RESULTS BASED ON BOICHARD METHODOLOGY

Reference Population is taken as the animals with both parents known. This population will be smaller than that one used to analyze Founders. You may then choose a particular population.

Number of animals in the Reference Population: 430
Number of Founders/Equi Founders/Ancestors contributing to the Reference Population: 118/ 108/ 91
Effective Number of Founders/Ancestors for the Reference Population: 46/ 24

Founder no.	Identity	Min.	Max.	% Population	E.N. Min.	E.N. Max.
77	156	77	91	98.43%	24.41	24.42
78	2	78	91	98.95%	24.42	24.42
79	143	79	91	98.66%	24.42	24.42
80	145	80	91	98.78%	24.42	24.42
81	148	81	91	98.90%	24.42	24.42
82	196	82	91	99.01%	24.42	24.42
83	218	83	91	99.13%	24.42	24.42
84	230	84	91	99.24%	24.42	24.42
85	232	85	91	99.36%	24.42	24.42
86	250	86	91	99.48%	24.42	24.42
87	272	87	91	99.59%	24.42	24.42
88	302	88	91	99.71%	24.42	24.42
89	306	89	91	99.83%	24.42	24.42
90	328	90	91	99.94%	24.42	24.42
91	124	91	91	99.94%	24.42	24.42

No of ancestors explaining 50%: 10

Actual Menu: Main > FOUNDERS

Founders and Ancestors Results

FOUNDER RESULTS OBTAINED FROM AVERAGE RELATEDNESS COEFFICIENTS

Size of Population: 600
Base Population (one or more unknown parents): 170 Actual Base Population (one unknown parent = half founder): 151.0
Effective Population Size of Founders: 67.79 Expected Inbreeding by unbalancing of founders contribution: 0.74% Computed Mean Inbreeding: 3.63%

Choose the field identifying the Reference Population

ANCESTORS RESULTS BASED ON BOICHARD METHODOLOGY

Reference Population is taken as the animals with both parents known. This population will be smaller than that one used to analyze Founders. You may then choose a particular population.

Number of animals in the Reference Population: 430
Number of Founders/Equi Founders/Ancestors contributing to the Reference Population: 118/ 108/ 91
Effective Number of Founders/Ancestors for the Reference Population: 46/ 24

Choose Field: BIRTH_DATE, SEX, AREA, REFERENCE

Founder no.	Identity	Min.	Max.	% Population	E.N. Min.	E.N. Max.
77	156	77	91	98.43%	24.42	24.42
78	2	78	91	98.95%	24.42	24.42
79	143	79	91	98.66%	24.42	24.42
80	145	80	91	98.78%	24.42	24.42
81	148	81	91	98.90%	24.42	24.42
82	196	82	91	99.01%	24.42	24.42
83	218	83	91	99.13%	24.42	24.42
84	230	84	91	99.24%	24.42	24.42
85	232	85	91	99.36%	24.42	24.42
86	250	86	91	99.48%	24.42	24.42
87	272	87	91	99.59%	24.42	24.42
88	302	88	91	99.71%	24.42	24.42
89	306	89	91	99.83%	24.42	24.42
90	328	90	91	99.94%	24.42	24.42
91	124	91	91	99.94%	24.42	24.42

No of ancestors explaining 50%: 10

Actual Menu: Main > FOUNDERS

Founders and Ancestors Results

FOUNDER RESULTS OBTAINED FROM AVERAGE RELATEDNESS COEFFICIENTS

Size of Population: 600
Base Population (one or more unknown parents): 170 Actual Base Population (one unknown parent = half founder): 151.0
Effective Population Size of Founders: 67.79 Expected Inbreeding by unbalancing of founders contribution: 0.74% Computed Mean Inbreeding: 3.63%

REFERENCE POPULATION DEFINED BY USER (USER REFERENCE FIELD VALUE IS 1)

Number of animals in the Reference Population: 202
Number of Founders/Equi Founders/Ancestors contributing to the Reference Population: 78/ 69/ 46
Effective Number of Founders/Ancestors for the Reference Population: 21/ 10

Founder no.	Identity	Min.	Max.	% Population	E.N. Min.	E.N. Max.
32	159	32	56	97.03%	9.96	9.97
33	169	33	56	97.40%	9.96	9.97
34	223	34	57	97.77%	9.96	9.97
35	159	35	57	98.08%	9.96	9.97
36	121	36	57	98.33%	9.96	9.97
37	178	37	54	98.55%	9.96	9.96
38	189	38	50	98.82%	9.96	9.96
39	251	39	47	99.07%	9.96	9.96
40	41	40	48	99.26%	9.96	9.96
41	137	41	46	99.44%	9.96	9.96
42	96	42	46	99.57%	9.96	9.96
43	97	43	46	99.63%	9.96	9.96
44	98	44	46	99.81%	9.96	9.96
45	166	45	46	99.94%	9.96	9.96
46	55	46	46	99.94%	9.96	9.96

No of ancestors explaining 50%: 4

Actual Menu: Main > FOUNDERS

V testovanom rodokmeňovom súbore je 118 základných predkov a 91 predkov. Efektívny počet základných predkov má hodnotu 46 a efektívny počet predkov 24. Z výsledkov tiež vyplýva, že 50% genetickej diverzity v súbore vysvetľuje iba 10 predkov, ktorý majú súčasne najvyššie marginálne príspevky. Pomer efektívneho počtu základných predkov a efektívneho počtu predkov ($f_e/f_a=1,92$) poukazuje na relatívne veľké zúženie rodokmeňov a to následkom prednostného využívania určitých jedincov v plemenitbe. Na diverzitu populácie teda pôsobil bottleneck efekt.

Odhad straty genetickej diverzity

Pre odhad straty genetickej diverzity je potrebné vypočítať efektívny počet základných predkov a genómov základných predkov (f_g sa odhadne pomocou funkcie programu Subpopulations Wright Fs Statistics). Na základe vyššie uvedených údajov a hodnoty f_g sa úroveň

diverzity v rodokmeňovom súbore odhadne ako: $GD = 1 - \frac{1}{2 \cdot 2,49} = 0,79$ a genetickej diverzity reflektujúcej nerovnaké príspevky základných predkov ako $GD^* = 1 - \frac{1}{2 \cdot 46} = 0,99$. Celková strata genetickej diverzity v populácii sa vypočíta ako $1 - 0,79 = 0,21$ (21%) a strata v dôsledku nerovnakého príspevku základných predkov ako $1 - 0,989 = 0,011$ (1,1%). Strata v dôsledku pôsobenia genetického driftu na genofond populácie sa odhadne ako $0,99 - 0,79 = 0,2$ (20%).

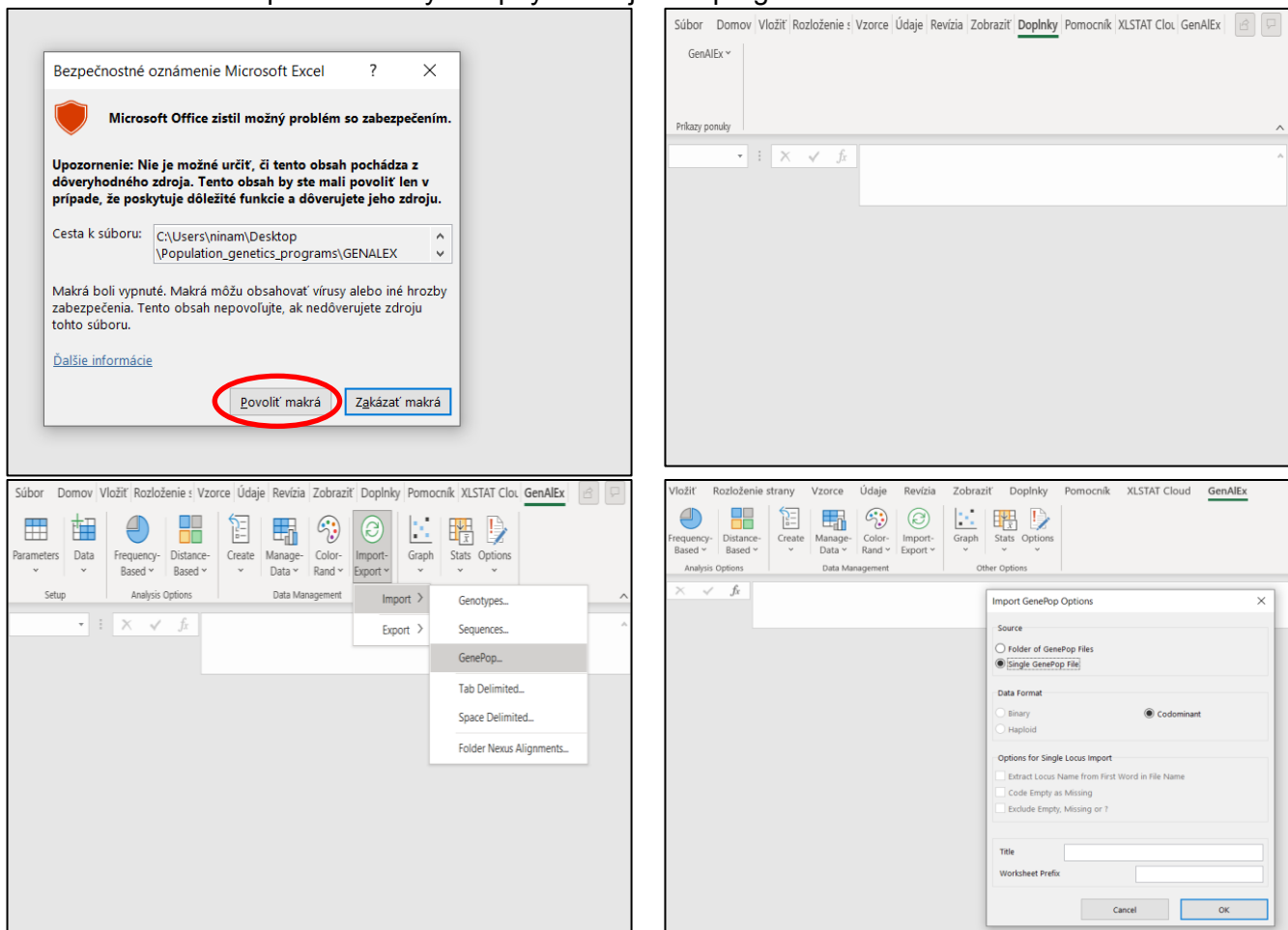
Praktické použitie programu Genalex (Excel - GenAIEx 6.5)

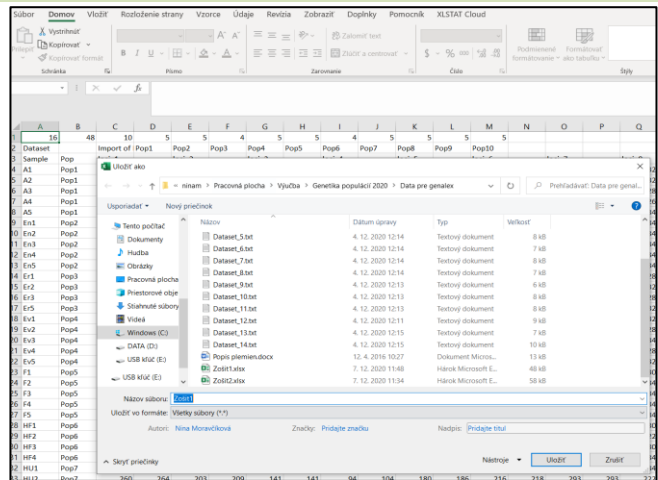
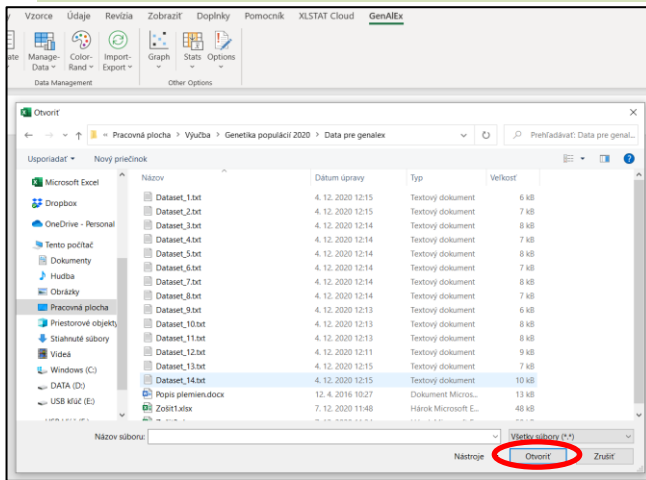
1. úloha (Excel - GenAIEx 6.5)

Načítanie súboru genepop

V rámci molekulovo-genetickej analýzy je testovaný súbor obsahujúci genotypové informácie pre 10 populácií a 16 genetických markerov (mikrosatelitné markery). Pre spustenie programu GenAIEx 6.5 je nutné po otvorení ikony programu povoliť používanie makriér (Obr. 3.11). Program sa nachádza umiestnený na lište nástrojov a to v rámci doplnkov alebo ako samostatný nástroj. Na import vstupného súboru do programu GenAIEx 6.5 sa využíva funkcia Import-Export, pričom pre import je potrebné zvoliť možnosť Import a následne vybrať možnosť GenePop. Po výbere možnosti GenePop sa otvorí dialógové okno, kde je potrebné potvrdiť typ vstupného súboru a kodominantný charakter genotypových informácií. V rámci nasledujúceho kroku program vyžaduje vyhľadanie vstupného súboru a jeho otvorenie. Následne program umožňuje uložiť výstup pod ľubovoľným názvom a vo vybranom priečinku v počítači.

Obrázok 3.11: Import databázy vstupných údajov do programu GenAIEx 6.5



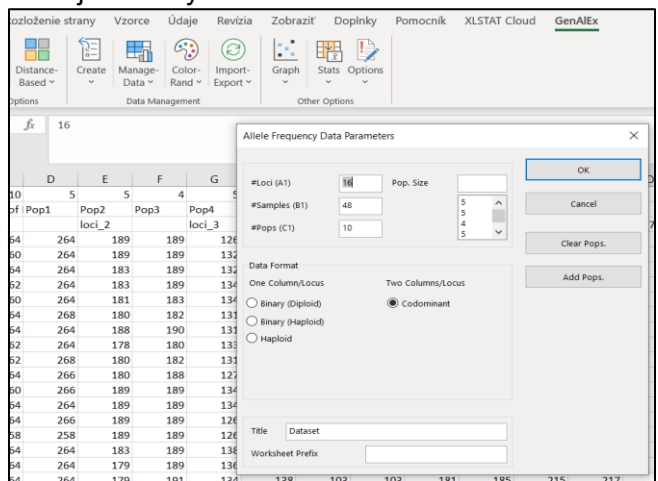


Ukazovatele vnútropopulačnej diverzity a ich interpretácia

Keďže výpočet vybraných ukazovateľov vnútropopulačnej diverzity (priemerný počet alel, efektívny počet alel, pozorovaná a očakávaná heterozygotnosť a Wrightov fixačný index) vychádza z frekvencií alel v testovaných populáciách, použije sa na ich stanovenie funkcia programu GenAIEx 6.5 Frequency-Based a následne Frequency (Obr. 3.12). Po výbere funkcie Frequency program požaduje potvrdiť počet analyzovaných markerov, vzoriek a populácií ako aj kodominantný charakter genotypových údajov. V nasledujúcom dialógovom okne je potrebné vybrať možnosť Het, Fstat & Poly by Pop, prostredníctvom ktorej program prepočíta vybrané parametre samostatne za jednotlivé populácie. Po prepočte program vytvorí nový hárok obsahujúci výsledky analýzy, označený ako HFP. V hároku sú uvedené prepočty ukazovateľov samostatne za populácie a genetické markery, ale aj priemerné hodnoty za testované genetické markery v rámci jednotlivých populácií. Okrem toho hárok obsahuje výsledky F-štatistiky.

Obrázok 3.12: Výpočet ukazovateľov vnútropopulačnej diverzity

Sample	Pop	loc1_1	loc1_2	loc1_3	loc1_4	loc1_5	loc1_6	loc1_7	loc1_8	loc1_9	loc1_10
A1	Pop1	264	189	189	126	138	0	0	189	197	215
A2	Pop1	264	189	189	132	138	101	103	197	199	217
A3	Pop1	264	183	189	132	144	103	103	179	193	217
A4	Pop1	262	264	183	189	134	138	93	103	185	199
A5	Pop1	260	264	181	183	134	140	103	103	189	193
En1	Pop2	264	268	180	182	131	139	98	102	185	193
En2	Pop2	264	264	188	190	133	133	102	102	185	217
En3	Pop2	262	264	178	180	133	133	92	102	189	189
En4	Pop2	262	268	180	182	131	133	98	102	185	193
En5	Pop2	264	266	180	188	127	131	98	102	185	189
Er1	Pop3	260	266	189	189	134	138	93	105	185	215
Er2	Pop3	264	264	189	189	134	136	93	93	185	195
Er3	Pop3	264	266	189	189	126	128	103	105	179	185
Er5	Pop3	258	258	189	189	136	136	99	105	179	181
Ev1	Pop4	264	264	183	189	138	140	93	93	185	215
Ev2	Pop4	264	264	179	189	136	138	93	93	185	197
Ev3	Pop4	264	264	179	191	134	138	103	103	181	185
Ev4	Pop4	258	264	179	189	126	138	93	93	185	215



Port of Pop1	Pop2	Pop3	Pop4
264	264	189	189
260	264	189	189
264	264	183	189
262	264	183	189
260	264	181	183
264	268	180	182
264	264	188	190
262	264	178	180
262	268	180	182
264	266	180	188
260	266	189	189
264	264	189	189
264	266	189	189
258	258	189	189
264	264	183	189
264	264	179	189
264	264	179	191
258	264	179	189
264	264	179	189
260	268	182	188
262	264	182	188
266	268	178	182
266	266	178	188
262	268	188	188
262	266	180	188
262	266	182	188
260	262	178	180

Sample Size	No. Alleles	No. Effective Alleles	Information Index	Observed Heterozygosity	Expected and Unbiased Expected Heterozygosity	Fixation Index			
Pop1	loc1_1	5	3.000	1.852	0.802	0.600	0.460	0.511	-0.304
	loc1_2	5	3.000	2.174	0.898	0.600	0.540	0.600	-0.111
	loc1_3	5	6.000	5.000	1.696	1.000	0.800	0.889	-0.250
	loc1_4	4	3.000	1.684	0.736	0.500	0.406	0.464	-0.211
	loc1_5	5	6.000	5.506	1.748	1.000	0.820	0.911	-0.220
	loc1_6	5	4.000	1.923	0.940	0.400	0.480	0.533	0.167
	loc1_7	5	3.000	2.174	0.898	0.400	0.540	0.600	0.259
	loc1_8	5	4.000	2.778	1.168	0.600	0.640	0.711	0.063
	loc1_9	5	4.000	3.846	1.366	1.000	0.740	0.822	-0.351
	loc1_10	5	4.000	2.381	1.089	0.800	0.580	0.644	-0.379
	loc1_11	5	4.000	1.571	1.332	0.800	0.720	0.800	-0.111
	loc1_12	5	2.000	1.220	0.325	0.200	0.180	0.200	-0.111
	loc1_13	5	4.000	2.381	1.089	0.400	0.580	0.644	0.330
	loc1_14	5	4.000	3.333	1.280	0.400	0.700	0.778	0.429
	loc1_15	5	3.000	1.852	0.802	0.200	0.460	0.511	0.565
	loc1_16	5	3.000	1.220	0.325	0.200	0.180	0.200	-0.111
Pop2	loc1_1	5	4.000	2.941	1.221	0.800	0.660	0.733	-0.212
	loc1_2	5	5.000	3.846	1.471	1.000	0.740	0.822	-0.351
	loc1_3	5	4.000	2.941	1.194	0.800	0.660	0.733	-0.212
	loc1_4	5	3.000	2.174	0.898	0.800	0.540	0.600	-0.481
	loc1_5	5	3.000	2.652	1.030	0.600	0.620	0.689	0.052
	loc1_6	5	3.000	2.273	0.950	0.600	0.560	0.622	-0.071
	loc1_7	5	4.000	2.778	1.168	0.400	0.640	0.711	0.375
	loc1_8	5	3.000	1.852	0.802	0.600	0.460	0.511	-0.304
	loc1_9	5	4.000	2.381	1.089	0.800	0.580	0.644	-0.379
	loc1_10	5	3.000	1.515	0.639	0.400	0.340	0.378	-0.176
	loc1_11	5	3.000	1.852	0.802	0.600	0.460	0.511	-0.304
	loc1_12	5	5.000	1.571	1.418	0.600	0.720	0.800	0.167
	loc1_13	5	5.000	3.846	1.471	0.800	0.740	0.822	-0.081
	loc1_14	5	3.000	1.923	1.418	0.800	0.720	0.800	-0.111
	loc1_15	5	3.000	2.273	0.950	0.800	0.560	0.622	-0.429
	loc1_16	5	3.000	1.515	0.639	0.400	0.340	0.378	-0.176

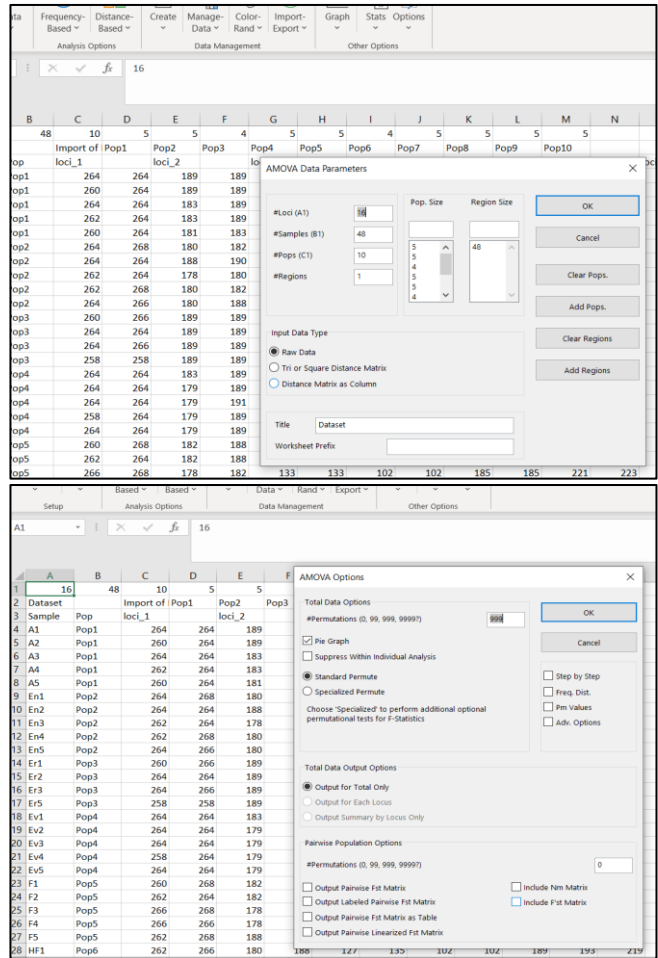
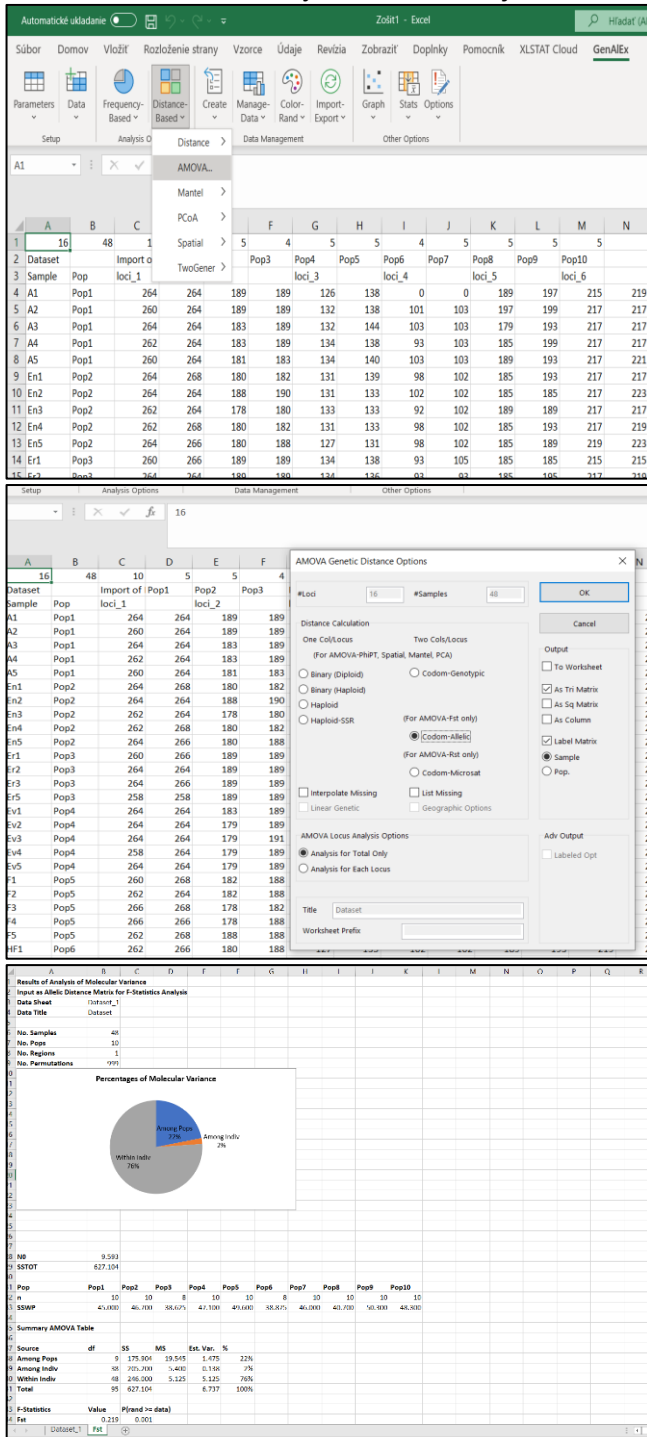
All Pops.	Locus	Fis	Fit	Fst	Nm
216	loc1_1	-0.056	0.264	0.303	0.576
217	loc1_2	-0.248	0.194	0.354	0.456
218	loc1_3	-0.092	0.187	0.255	0.729
219	loc1_4	-0.182	0.195	0.319	0.533
220	loc1_5	-0.144	0.098	0.212	0.932
221	loc1_6	-0.075	0.273	0.324	0.523
222	loc1_7	0.075	0.369	0.318	0.537
223	loc1_8	-0.144	0.117	0.228	0.847
224	loc1_9	-0.138	0.170	0.271	0.674
225	loc1_10	-0.299	-0.088	0.163	1.287
226	loc1_11	-0.067	0.407	0.444	0.313
227	loc1_12	-0.054	0.235	0.274	0.662
228	loc1_13	-0.019	0.256	0.270	0.677
229	loc1_14	0.006	0.252	0.247	0.761
230	loc1_15	-0.186	0.149	0.283	0.634
231	loc1_16	-0.065	0.126	0.180	1.142
233	Mean	-0.106	0.200	0.278	0.705
234	SE	0.024	0.029	0.017	0.062

Celkový priemer za všetky hodnotené populácie a genetické markery poukazuje na pomerne vysoký podiel heterozygotných jedincov v testovanej databáze ($H_o=0,65$ a $H_e=0,59$). Vyšší podiel jedincov s heterozygotným genotypom v porovnaní s homozygotnými jedincami potvrdzuje aj záporná hodnota fixačného indexu ($F=-0,11$). Z hodnotených populácií bol najvyšší priemerný počet alel zistený pre populáciu Pop10 a najvyšší efektívny počet alel pre populáciu označenú ako Pop9. Napriek tomu, však najvyššiu priemernú pozorovanú heterozygotnosť dosiahla populácia Pop7 a očakávanú Pop9. Avšak rozdiely v priemernom počte a efektívnom počte alel sú medzi analyzovanými populáciami nízke. U každej z nich sa potvrdil vyšší podiel jedincov s heterozygotným genotypom a to ako na základe pozorovanej a očakávanej heterozygotnosti, tak aj fixačného indexu. Z výsledkov teda vyplýva, že úroveň genetickej diverzity je v jednotlivých populáciách pomerne dobrá a podiel inbredných jedincov v rámci nich je pravdepodobne nízky.

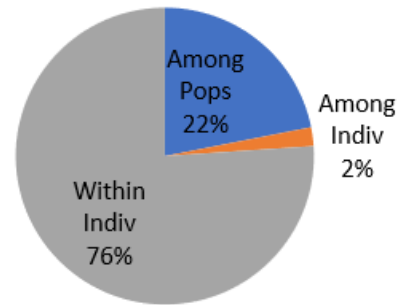
Ukazovatele medzipopulačnej diverzity a ich interpretácia

Medzipopulačná diverzita je vyhodnotená pomocou F-štatistiky a analýzy molekulovej variancie. Výsledky F-štatistiky sú znázornené na obrázku 3.12. Z výsledkov vyplýva, že aj keď je v rámci jednotlivých populácií vyšší podiel heterozygotných jedincov ($F_{IS}=-0,106$), v metapopulácii prevažujú zvieratá s homozygotným genotypom ($F_{IT}=0,20$). Index F_{ST} má hodnotu 0,28, z čoho vyplýva, že testované subpopulácie sú geneticky dostatočne diferencované a vytvárajú samostatné skupiny so špecifickými alelami, resp. frekvenciami alel. Postup pre analýzu molekulovej variancie je znázornený na obrázku 3.13. Na jej výpočet sa používa možnosť Distance-Based a AMOVA. V rámci samotnej analýzy sú použité všetky prednastavené kritéria. Po dokončení výpočtu program vytvorí nový hárok označený ako Fst.

Obrázok 3.13: Analýza molekulej variance



Percentages of Molecular Variance



Z výsledkov AMOVA analýza vyplýva, že genetickú variabilitu vo vstupnom súbore najvýznamnejšie ovplyvňujú rozdiely medzi jedincami v metapopulácii (76%). Rozdiely medzi populáciami ako celkami sa podieľajú na 22% percentách variability a najšší vplyv na genetickú variabilitu majú rozdiely medzi jedincami v jednotlivých populáciách (2%).

2. úloha (Excel - GenAIEx 6.5)

Neiove genetické vzdialenosti a F_{ST} index a ich interpretácia

Výpočet matice Neiových genetických vzdialeností a vzdialeností odvodených od indexu F_{ST} medzi testovanými populáciami je realizovaný pomocou funkcie Frequency-Based a Frequency, podobne ako pri výpočte ukazovateľov vnútro populačnej diverzity. Rozdiel je len pri výbere možnosti analýzy, kedy namiesto Het, Fstat & Poly by Pop zvolíme možnosti Nei Distance a Pairwise Fst (Obr. 3.14). Program vytvorí dva nové hárky NeiP a FstP, obsahujúce informácie o genetických vzdialenostiach v závislosti od metodického prístupu.

Obrázok 3.14: Výpočet matice Neiových genetických vzdialeností a vzdialeností odvodených od indexu F_{ST}

The image displays the GenAIEx software interface. The main window shows a data table with columns for Dataset, Sample, Pop, and 10 loci (loc1 to loc10). The data is organized into a grid. Two dialog boxes are open: 'Allele Frequency Data Parameters' and 'Codominant Frequency Options'. The 'Allele Frequency Data Parameters' dialog box shows settings for 10 loci, 48 samples, and 10 populations. The 'Codominant Frequency Options' dialog box shows options for Nei Distance and Pairwise Fst. The main data table shows the following data:

Dataset	Sample	Pop	loc1	loc2	loc3	loc4	loc5	loc6	loc7	loc8	loc9	loc10
1	A1	Pop1	264	264	264	264	264	264	264	264	264	264
2	A2	Pop1	260	264	189	189	132	138	101	103	197	199
3	A3	Pop1	264	264	183	189	132	144	103	103	179	193
4	A4	Pop1	262	264	183	189	134	138	93	103	185	199
5	A5	Pop1	260	264	181	183	134	140	103	103	189	193
6	En1	Pop2	264	268	180	182	131	139	98	102	185	193
7	En2	Pop2	264	264	188	190	131	133	102	102	185	185
8	En3	Pop2	262	264	178	180	133	133	92	102	189	189
9	En4	Pop2	262	268	180	182	131	133	98	102	185	193
10	En5	Pop2	264	266	180	188	127	131	98	102	185	189
11	Er1	Pop3	260	266	189	189	134	138	93	105	185	185
12	Er2	Pop3	264	264	189	189	134	136	93	93	185	195
13	Er3	Pop3	264	266	189	189	126	128	103	105	179	185
14	Er5	Pop3	258	258	189	189	126	136	99	105	179	181
15	Ev1	Pop4	264	264	183	189	138	140	93	93	185	185
16	Ev2	Pop4	264	264	179	189	136	138	93	93	185	197
17	Ev3	Pop4	264	264	179	191	134	138	103	103	181	185
18	Ev4	Pop4	258	264	179	189	126	138	93	93	185	185
19	HF1	Pop5	260	262	268	268	268	268	268	268	268	268
20	HF2	Pop5	260	262	268	268	268	268	268	268	268	268
21	HF3	Pop5	260	262	268	268	268	268	268	268	268	268

The 'Allele Frequency Data Parameters' dialog box shows the following settings:

- #Loci (A1): 10
- Pop. Size: 10
- #Samples (B1): 48
- #Pops (C1): 10
- Data Format: Two Column/Locus
- One Column/Locus: Binary (Diploid)
- Binary (Diploid): Codominant
- Binary (Haploid):
- Haploid:
- Title: Dataset
- Worksheet Prefix:

The 'Codominant Frequency Options' dialog box shows the following settings:

- Allele Frequency & Heterozygosity: Frequency by Pop, Graph by Locus, Graph by Pop for each Locus, Frequency by Locus
- Het, Fst & Poly by Pop: Nei Distance, Nei Unbiased Distance, Output Pairwise Matrix, Output Labeled Pairwise Matrix, Output Pairwise Matrix as Table
- Allelic Patterns: Allelic Pattern, Allelic List, Private Alleles List
- Multiple Pop Options: Nei Distance, Nei Unbiased Distance, Output Pairwise Matrix, Output Labeled Pairwise Matrix, Output Pairwise Matrix as Table
- Options: Step by Step

The main data table shows the following data:

Dataset	Pop1	Pop2	Pop3	Pop4	Pop5	Pop6	Pop7	Pop8	Pop9	Pop10	
1	1	10									
2	Dataset	Dataset_1	Pairwise Population Matrix of Nei Genetic Distance								
3	Pop1	Pop2	Pop3	Pop4	Pop5	Pop6	Pop7	Pop8	Pop9	Pop10	
4	0.000									Pop1	
5	0.845	0.000								Pop2	
6	0.401	1.263	0.000							Pop3	
7	0.382	1.197	0.279	0.000						Pop4	
8	1.019	0.227	1.281	1.388	0.000					Pop5	
9	1.344	0.506	1.480	1.608	0.496	0.000				Pop6	
10	1.316	0.872	1.710	1.731	0.887	1.193	0.000			Pop7	
11	1.363	0.760	1.709	1.481	0.924	1.209	0.506	0.000		Pop8	
12	1.577	0.955	1.694	1.533	0.880	1.046	0.408	0.536	0.000	Pop9	
13	0.897	0.335	1.082	1.427	0.289	0.437	1.106	1.014	1.144	0.000	Pop10

V oboch prípadoch sa za geneticky najpodobnejšie považujú populácie s najnižšou hodnotou a naopak za geneticky najvzdialenejšie (najmenej príbuzné) populácie s najvyššou hodnotou ukazovateľa. V prípade genetických vzdialeností bola najväčšia genetická vzdialenosť zistená medzi populáciami Pop4 a Pop7 a naopak najmenšia medzi populáciami Pop2 a Pop5 ($D_a=0,23$). V prípade F_{ST} indexu rovnako najvyššiu podobnosť preukázali populácie Pop2 a Pop5 ($F_{ST}=0,06$) a rozdielnosť populácie Pop3 a Pop8 ($F_{ST}=0,27$).

Analýza hlavných komponentov

Keďže vzájomné vzťahy medzi populáciami vyplývajú z viacerých faktorov (geografický pôvod, fylogenetický pôvod, proces zošľachtovania, produkčný typ a pod.) je vhodné mieru ich genetickej diferenciácie otestovať aj prostredníctvom iných typov analýz. Vhodnou z tohto pohľadu

je analýza hlavných komponentov. Pred samotnou PCA analýzou je potrebné v programe GenAlEx 6.5 vypočítať maticu genetických vzdialeností medzi jedincami pomocou funkcie Distance-Based -> Distance -> Genetic (Obr. 3.15). Na výpočet použijeme prednastavené parametre analýzy. Samotná analýza hlavných komponentov je realizovaná prostredníctvom funkcie Distance-Based -> PCoA -> Analysis. V nasledujúcom dialógovom okne je okrem prednastavených parametrov potrebné vybrať možnosť Color Code Pops (v grafickej vizualizácii bude každá z populácií odlíšená inou farbou a symbolom).

Obrázok 3.15: Analýza hlavných komponentov

The image displays the GenAlEx 6.5 software interface, showing the workflow for calculating genetic distance matrices and performing a PCoA analysis. The interface includes a menu bar, a toolbar, and a main workspace with a data table and various dialog boxes.

Genetic Distance Options Dialog:

- Distance Calculation: Two Cols/Locus (For AMOVA-PHPT, Spatial, Mantel, PCA)
- One Col/Locus: Binary (Diploid) Codom-Genotypic
- Binary (Haploid) Codom-Allelic
- Haploid Codom-Microsat
- Haploid-SSR
- Distance Output Options: Output Total Distance Only Output Distance All Loci
- Interpolate Missing: Linear Genetic Geographic Options
- Adv Output: Labeled Opt Data by Pop Dist by Pop To Workbook

PCoA Parameters Dialog:

- Input Data Type: Tri Distance Matrix Distance Matrix as Column
- #Samples: 48
- PCoA Method: Covariance-Standardized Covariance-Not Standardized Distance-Standardized Distance-Not Standardized
- Graph Options: Data Labels Color Code Pops
- Title: Dataset
- Worksheet Prefix: Dataset

Principal Coordinates Analysis (PCoA) Results:

Percentage of variation explained by the first 3 axes

Axis	1	2	3
%	15.54	12.39	5.22
Cum %	15.54	27.92	33.14

Principal Coordinates (PCoA) plot showing the distribution of samples across the first two principal coordinates (Coord. 1 and Coord. 2). The plot includes a legend for populations (Pop1 to Pop8) and a list of sample IDs (A1 to A5, En1 to En5, Er1 to Er5, Ev1 to Ev4).

Eigen Values by Axis and Sample Eigen Vectors

Eigen Value	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
17.272	13.773	5.800	5.000	4.465	4.380	3.975	3.544	3.318	3.099	2.798	
A1	0.887	-0.325	-0.314	0.268	0.151	-0.178	0.344	0.020	-0.028	0.112	-0.433
A2	0.950	-0.275	-0.153	0.189	-0.325	-0.286	0.368	-0.346	-0.199	0.152	-0.001

Z výsledkov analýzy vyplýva, že najväčší podiel variability v testovanom súbore vysvetľujú prvé dva hlavné komponenty (PC1 15,54% a PC2 12,39%). Aj napriek pomerne dobrej úrovni diferenciácie, vyplývajúcej z priemernej hodnoty F_{ST} indexu, grafická vizualizácia prvých dvoch hlavných komponentov naznačuje vytváranie troch samostatných skupín. Genetická podobnosť medzi jednotlivými populáciami spôsobila, že tieto sú zoskupené v spoločnom zhluku.

Praktické použitie programu R (R Studio)

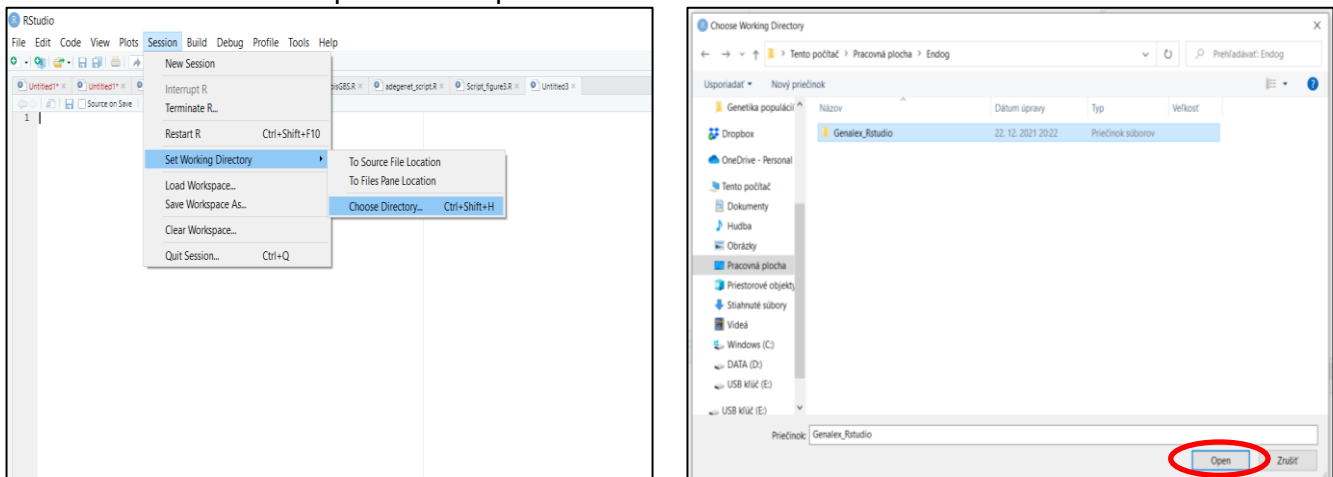
1. úloha (Program R studio)

Grafické znázornenie Neiových genetických vzdialeností medzi populáciami

V prvom kroku po otvorení programu R studio je potrebné zmeniť pracovný priečinok na priečinok, ktorý obsahuje vstupné informácie, t. j. v tomto prípade textový súbor s maticou Neiových genetických vzdialeností. Zmenu pracovného priečinku možno realizovať pomocou funkcie programu R studio (Obr. 3.16) alebo priamo zadáním príkazu `setwd("...")`, ktorý obsahuje informáciu o lokalizácii priečinku v počítači (tzv. „cestu“):

```
setwd("C:/Users/ninam/Desktop/Endog/Genalex_Rstudio")
```

Obrázok 3.16: Zmena pracovného priečinku

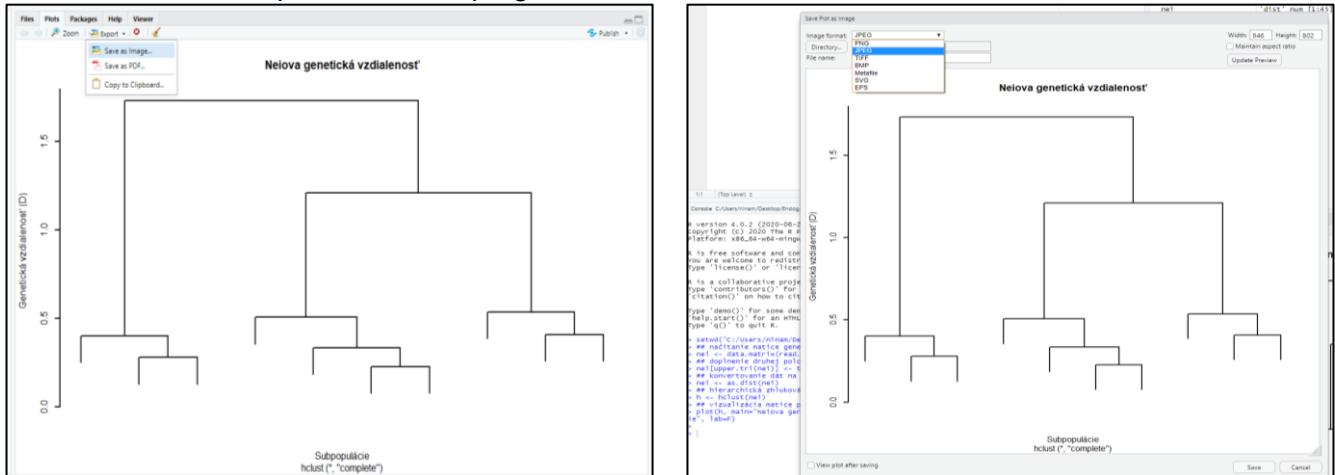


Zdrojový kód potrebný na import vstupného súboru a samotnú vizualizáciu je nasledovný:

```
## načítanie matice genetických vzdialeností
nei <- data.matrix(read.table("Nei.txt", fill=TRUE, col.names=paste("V", 1:10)))
## doplnenie druhej polovice matice
nei[upper.tri(nei)] <- t(nei)[upper.tri(nei)]
## konvertovanie dát na objekt triedy „dist“
nei <- as.dist(nei)
## hierarchická zhluková analýza
h <- hclust(nei)
## vizualizácia matice pomocou dendrogramu
plot(h, main="Neiova genetická vzdialenosť", lwd=2, ylab="Genetická vzdialenosť (D)", xlab="Subpopulácie", lab=F)
```

Výsledný obrázok je možné vyexportovať v rôznych typoch súborov (.pdf, .jpg, .png) a to použitím funkcie `Plots -> Export` (Obr. 3.17). Obrázok program automaticky uloží do priečinka, ktorý je momentálne nastavený ako pracovný.

Obrázok 3.17: Export obrázku z programu R studio



Získané výsledky potvrdzujú, že sa vyššia genetická podobnosť medzi niektorými z testovaných populácií prejavila vznikom troch samostatných skupín.

2. úloha (Program R studio)

Grafické znázornenie vzťahov medzi populáciami pomocou Wrightovho F_{ST} indexu

Zdrojový kód potrebný na import vstupného súboru a samotnú vizualizáciu je nasledovný:

```
## načítanie matice vzdialeností odvodených od fixačného indexu FST
Fst <- data.matrix(read.table("Fst.txt", fill=TRUE, col.names=paste("V", 1:10)))
## doplnenie druhej polovice matice
Fst[upper.tri(Fst)] <- t(Fst)[upper.tri(Fst)]
## konvertovanie dát na objekt triedy „dist“
Fst <- as.dist(Fst)
## hierarchická zhuková analýza
h <- hclust(Fst)
## vizualizácia matice pomocou dendrogramu
plot(h, main="Genetická vzdialenosť odvodená z indexu FST", lwd=2,
ylab="Genetická vzdialenosť (Fst)", xlab="Subpopulácie", lab=F)
```

Zdroje a použitá literatúra

- BOICHARD, D. – Maignel, L. – VERRIER, E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. In *Genetics Selection Evolution*, vol. 29, p. 5-23.
- CABALLERO, A. – TORO, M. A. 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. In *Genetics Research*, vol. 75, p. 331-343.
- EXCOFFIER, L. – SMOUSE, P. E. – QUATTRO, J. M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. In *Genetics*, vol. 131, p. 479-491.
- GUTIÉRREZ, J.P. – GOYACHE, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. In *Journal of Animal Breeding and Genetics*, vol. 122, p. 172-176.
- KADLEČÍK, O. – KASARDA, R. – MORAVČÍKOVÁ, N. 2017. Biodiverzita populácií zvierat. Nitra : SPU. ISBN 978-80-552-1763-5.
- LACY, R. C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalence. In *Zoo Biology*, vol. 8, p. 111-124.
- LACY, R. C. 1995. Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. In *Zoo Biology*, vol. 14, p. 565-577.
- MACCLUER, J. W. – BOYCE, A. J. – DYKE, B. – WEITKAMP, L. R. – PFENNIG D. W. – PARSONS, C. J. 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. In *Journal of Heredity*, vol. 74, p. 394-399.
- MEUWISSEN, T.I. – LUO, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. In *Genetics Selection Evolution*, vol. 24, p. 305-313.
- WEIR, B. S. – COCKERHAM, C. C. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. In *Evolution*, vol. 38, p. 1358-1370.
- WRIGHT, S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. In *American naturalist*, vol. 56, p. 330-338.
- WRIGHT, S. 1931. Evolution in Mendelian populations. In *Genetics*, vol. 16, p. 97-159.
- WRIGHT, S. 1951. The genetical structure of populations. In *Annals of Eugenics*, vol. 15, p. 323-354.