

Výpočet odhadu koeficientu heritability pomocí analýzy variance užitekových hodnot u příbuzných jedinců.

Analýza variance skupin polosourozenců podle otců

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

Databáze:

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

Statistický model jednofaktorové analýzy variance:

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

y_{ij} – užitečnost j-tého potomka po i-tém otci

μ – obecný průměr populace

a_i – vliv i-tého otce

e_{ij} – ostatní nahodilé vlivy

Přepočítané součty, čtverce součtů a součty čtverců:

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

$$p = 5$$

$$n = 40$$

$$n_i = n_0 = 8$$

Výpočet součtu čtverců odchylek od průměru:

- mezi otci

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

- uvnitř skupin podle otců (reziduální)

$$SS_e = \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^{m_i} y_{ij}^2 - \sum_{i=1}^p \frac{Y_{i\cdot}^2}{n_i} =$$

- pro celý pokus

$$SS_c = \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^{m_i} y_{ij}^2 - \frac{Y_{..}^2}{n} =$$

Tabulka analýzy variance:

Proměnlivost	SS	df	MS	složení MS
Mezi skupinami (a)				$= \sigma_e^2 + n_0 \sigma_g^2$
Uvnitř skupin (e)				$= \sigma_e^2$
Celková (c)				

SS – součet čtverců odchylek od průměru; df – stupně volnosti (degrees of freedom); MS – průměrný čtverec (~ variance)

Po statistické analýze následuje genetická analýza, kdy z odhadnutých variancí mezi skupinami a uvnitř skupin příbuzných jedinců, vypočítáme genetickou varianci podle otců!

Výpočet odhadu genetické variance podle otců:

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

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

$$\sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2 =$$

$$\rho = r_i = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2} =$$

$$h^2 = 4\rho = 4 \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2} = 4 \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2} =$$

Výpočet **střední chyby** odhadu koeficientu heritability:

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

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

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

$$se_{h^2} = \left(h^2 + \frac{4}{n_0} \right) \cdot \sqrt{\frac{2}{\rho}} =$$

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

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