

V

SELEKTSIOONIINDEKSID

Kuigi geneetiliste parameetrite (päritavuskoefitsiendid, geneetilised korrelatsioonikordajad, aretusväärtused) hindamiseks reaalses, suurtes ja väga erinevatel sugulusastmetel indiviididest koosnevas populatsioonides on nii tulemuste täpsuse kui ka arvutuste lihtsama teostatavuse huvides otstarbekam kasutada järgnevais punktides käsitletavaid üldistel lineaarsetel mudelitel baseeruvaid meetodeid, on loomade aretusstrateegiate välja töötamisel ja aretusprogrammide koostamisel aluseks ikkagi kindlatele põlvnemisskeemidele ja populatsioonigeneetika seaduspäradele tuginevad selektsiooniindeksid.

Esmalt 1930-ndate teises pooles taimekasvatuse tarvis välja töötatud selektsiooniindeksite teooriat arendas edasi ja kohandas loomade aretusele USA loomakasvatusteadlane **Lanoy Nelson Hazel** 1941. aastal oma doktoriväittekirjas. Laiemalt tuntuks sai see erinevate informatsiooniallikate ja andmete ühte mudelisse inkorporeerimist selgitav ning siimaani kogu kunstliku valiku aluseks olev teooria 1943. aastal peale publitseerimist ajakirjas „Genetics” (Hazel, L. N. 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. Genetics, 28, 476-490). Hazel ise oli II Maailmasõja järgses USA-s (ja seeläbi ka maailmas) juhtivaks persooniks loomade aretusteooria väljatöötamisel. Muuhulgas kuulus tema poolt juhendatavate üliõpilaste hulka ka 1950.-ndatest alates loomade tõuaretuses uusi suundi rajanud ning selektsiooniindeksite teooria edasi arendamise läbi dispersioonanalüüsi segamudeliteni (*BLUP*, looma mudel jmt) jõudnud Charles Roy Henderson.



The Texas Youth

5.1 DEFINITSIOON

5.1.1 Selektiooniindeks ühele tunnusele

Juhul kui kogu selektsioonialune populatsioon paikneb sarnastes keskkonnatingimustes, piisab geneetiliselt parimate indiviidide välja valimiseks iga indiviidi (ja/või tema sugulaste) fenotüübiväärtuste võrdlemisest populatsiooni keskmisega¹. Kõik need fenotüübil mõõdetud erinevused koondatakse sobivalt valitud kordajatega kaalutuna ühte võrrandisse. Sellist looma aretusväärtuse (või geneetilise väärtuse) määramiseks konstrueeritud võrrandit nimetatakse **selektsiooniindeksiks**.

Selektsiooniindeksi üldkuju on

$$I = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_mX_m, \quad (5.1)$$

kus X_i tähistab indiviidi enese või tema sugulase fenotüübiväärtuse (või fenotüübiväärtuste keskmise) erinevust populatsiooni keskmisest ja b_i on sobivalt valitud kaaluparameeter (mis vastavalt regressioonikordaja olemusele näitab muutust indeksi väärtuses fenotüübiväärtuse muutumisel ühe ühiku võrra).

Parameetrid b_i püütakse valida nii, et indeks I kujutaks enesest parimat prognoosi aretusväärtusele A , $\hat{A} = I$. Parim tähendab siin, et

- korrelatsioon prognoositud aretusväärtuse (indeksi väärtuse) ja tegeliku aretusväärtuse vahel, $r_{\hat{A},A} = r_{I,A}$, on maksimaalne,
- prognooside ruutviga $(A - I)^2$ ja prognooside varieeruvus $\text{var}(I)$ on minimaalsed,
- indiviidide korrektne järjestamine nende geneetilise potentsiaali alusel toimub suurima tõenäosusega ning
- selektsiooni läbi saavutatav geneetiline edu on maksimaalne.

Samuti teisendatakse kordajate b_i avaldise nii, et need ei sõltuks uuritava tunnuse väärtustest konkreetses populatsioonis, vaid avalduksid standardsete, eeldatavalt suhteliselt muutumatute normeeritud

¹ Juhul, kui keskkonnatingimused on erinevad, aga nende mõju on täpselt teada, korrigeeritakse kõiki võrreldavaid suurusi keskkonnatingimuste suhtes (näiteks lahutatakse iga lehma piimatoodangust farmi keskmise piimatoodangu erinevus populatsiooni keskmisest).

väärtustega populatsioonigeneetika parameetrite nagu päritavuskoeffitsient, korduvus, geneetilised korrelatsioonikordajad jne funktsioonina.

Et seleksiooniindeks (5.1) on fenotüübil mõõdetud väärtuste suhtes lineaarne võrrand, nimetatakse teda ka **aretusväärtuse parimaks lineaarseks prognoosiks** (*best linear predictor*, **BLP**).

Ühe indiviidi ühele tunnusele konstrueeritud seleksiooniindeks (5.1) on maatrikskujul järgmine:

$$I = \mathbf{b}^T \mathbf{X},$$

kus $\mathbf{b} = (b_1 \ b_2 \ \dots \ b_m)^T$ on seleksiooniindeksi kaaluparameetrite vektor ja $\mathbf{X} = (X_1 \ X_2 \ \dots \ X_m)^T$ on fenotüübil mõõdetud erinevuste vektor.

Et seleksiooniindeks on oma kujult mitmene regressioonivõrrand, on tema kordajad b_i avaldatavad seosest (vt pt 2)

$$b_i = \text{cov}(X_i, A) / \text{var}(X_i). \quad (5.2)$$

Sama valem on esitatav ka maatrikskujul:

$$\mathbf{b} = \text{var}(\mathbf{X})^{-1} \text{cov}(\mathbf{X}, A) = \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}, \quad (5.3)$$

kus $\text{var}(\mathbf{X}) = \mathbf{P}$ on fenotüübil mõõdetud erinevuste dispersioonimaatriks (dimensiooniga $m \times m$) ja $\text{cov}(\mathbf{X}, A) = \mathbf{G}$ on fenotüübi ja tegeliku aretusväärtuse vaheliste kovariatsioonide $m \times 1$ -vektor²:

$$\mathbf{P} = \text{var}(\mathbf{X}) = \begin{pmatrix} \text{var}(X_1) & \text{cov}(X_1, X_2) & \dots & \text{cov}(X_1, X_m) \\ \text{cov}(X_2, X_1) & \text{var}(X_2) & \dots & \text{cov}(X_2, X_m) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \text{cov}(X_m, X_1) & \text{cov}(X_m, X_2) & \dots & \text{var}(X_m) \end{pmatrix} \quad \text{ja} \quad \mathbf{G} = \text{cov}(\mathbf{X}, A) = \begin{pmatrix} \text{cov}(X_1, A) \\ \text{cov}(X_2, A) \\ \vdots \\ \text{cov}(X_m, A) \end{pmatrix}.$$

5.1.2 Seleksiooniindeksi täpsus

Seleksiooniindeksi kujul avalduva aretusväärtuse hinnangu usaldusväärsuse mõõtmisel lähtutakse hinnangu varieeruvusest ning hinnangu ja hinnatava parameetri tegeliku väärtuse sarnasusest.

Aretusväärtuse hinnangu varieeruvust mõõdavad **seleksiooniindeksi dispersioon** $\text{var}(I) = \sigma_I^2$ ja standardhälve (viimane kujutab enesest hinnatava **aretusväärtuse standardviga**): $se(A) = \sigma_A = \sigma_I$.

Lähtudes seleksiooniindeksi (5.1) maatrikskujust $I = \mathbf{b}^T \mathbf{X}$ ja indeksi kordajate avaldisest (5.3), on indeksi dispersioon avaldatav maatriksvõrdusena

$$\sigma_I^2 = \text{var}(\mathbf{b}^T \mathbf{X}) = \mathbf{b}^T \text{var}(\mathbf{X}) \mathbf{b} = \mathbf{b}^T \mathbf{P} \mathbf{b} \stackrel{(5.3) \Rightarrow \mathbf{P} \mathbf{b} = \mathbf{G}}{=} \mathbf{b}^T \mathbf{G}. \quad (5.4)$$

Lihtsamate indeksite puhul saab lähtuda ka viimase maatriksvõrduse elementhaaval esitusest

$$\sigma_I^2 = \sum_{i=1}^m [b_i \times \text{cov}(X_i, A)]. \quad (5.5)$$

Hinnatava aretusväärtuse standardviga avaldub seosena

$$se(A) = \sigma_I = (\mathbf{b}^T \mathbf{G})^{1/2} = \sqrt{\sum_{i=1}^m [b_i \times \text{cov}(X_i, A)]}.$$

Seleksiooniindeksi täpsuse (*accuracy*) all mõistetakse korrelatsiooni indeksi kujul hinnatud ja tegeliku aretusväärtuse vahel, $r_A = r(I, A) = r(\hat{A}, A)$.

Korrelatsioon indeksi ja tegeliku aretusväärtuse vahel esitub vastavalt korrelatsioonikordaja definitioonile seosena

$$r_A = r(I, A) = \frac{\text{cov}(I, A)}{\sqrt{\text{var}(I) \text{var}(A)}}. \quad (5.6)$$

² Juhul, kui seleksioon baseerub mitmel (n) erineval tunnusel, on loomulik püüda hinnata aretusväärtused neile kõigile samaaegselt, hinnates selleks aretusväärtuste vektorit $\mathbf{A} = (A_1, A_2, \dots, A_n)^T$ (samuti toimitakse juhul, kui korrigeeritakse hinnatavate aretusväärtuste n loomale); vastavalt muutub ka kovariatsioonimaatriksite dimensioon – aretus- ja fenotüübiväärtuste vahelise kovariatsiooni kajastavas maatriksis $\mathbf{G}_{m \times n} = \text{cov}(\mathbf{X}, \mathbf{A})$ vastab üks veerg igale hinnatavale aretusväärtusele (ja rida konkreetsel informatsioonilikal mõõdetud fenotüübiväärtusele):

$$\text{cov}(\mathbf{X}, \mathbf{A}) = \begin{pmatrix} \text{cov}(X_{11}, A_1) & \text{cov}(X_{12}, A_2) & \dots & \text{cov}(X_{1n}, A_n) \\ \text{cov}(X_{21}, A_1) & \text{cov}(X_{22}, A_2) & \dots & \text{cov}(X_{2n}, A_n) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \text{cov}(X_{m1}, A_1) & \text{cov}(X_{m2}, A_2) & \dots & \text{cov}(X_{mn}, A_n) \end{pmatrix}.$$

Kovariatsioonimaatriksi tähistus \mathbf{G} on traditsiooniline seleksiooniindeksite teooriale ja ei märgi üldjuhul sama maatriksit kui segamudelite teoorias (Pt 6 ja 7) kasutatav juhulike efektide dispersioonimaatriksi tähistus.

Et

$$\text{cov}(I, A) = \text{cov}(b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_mX_m, A) = b_1\text{cov}(X_1, A) + b_2\text{cov}(X_2, A) + \dots + b_m\text{cov}(X_m, A) = \mathbf{b}^T\mathbf{G} = \sigma_I^2,$$

siis

$$r_{IA} = \sigma_I^2 / \sqrt{\sigma_I^2 \sigma_A^2} = \sigma_I / \sigma_A = \sqrt{\sum_{i=1}^m [b_i \times \text{cov}(X_i, A)]} / \sigma_A. \quad (5.7)$$

Keerulisemate indeksite puhul on sageli mõttekas avaldada nende täpsus otse dispersioonimaatriksite \mathbf{G} ja \mathbf{P} ning populatsiooni geneetiliste parameetrite kaudu, ilma indeksi kordajaid b_i eelnevalt välja arvutamata:

$$r_{IA} = \sqrt{\frac{\mathbf{G}^T \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}}{h^2 \sigma_P^2}}. \quad (5.8)$$

Viimase võrduse tuletamisel on lähtutud sellest, et vastavalt valemeile (5.4) ja (5.3) ning maatriksite transposeerimise omadustele $\sigma_I^2 = \mathbf{b}^T \mathbf{G} = (\mathbf{P}^{-1} \mathbf{G})^T \mathbf{G} = \mathbf{G}^T \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}$, ning päritavuskoefitsiendi definitsioonist $h^2 = \sigma_A^2 / \sigma_P^2$ tulenevalt $\sigma_A = \sqrt{h^2 \sigma_P^2}$.

Hinnatava aretusväärtuse standardviga avaldub indeksi täpsuse kaudu kujul

$$se(A) = r_{IA} \times \sigma_A. \quad (5.9)$$

5.1.3 Seleksiooniindeksi suhteline täpsus *

Erineva informatsiooni seleksiooniindeksiks inkorporeerimisel võib sageli osutada vajalikuks teadmine, kui võrd ühe või teise informatsiooniallika arvesse võtmine või mitte võtmine indeksi täpsust muudab. Kuna igale informatsiooniallikale vastab seleksiooniindeksis üks liidetav ja seeläbi ka üks kordaja b_i , on valemite (5.5) ja (5.7) alusel leitavad avaldised indeksi nn suhtelise efektiivsuse tarvis.

Võtame vaatluse alla kaks seleksiooniindeksit:

$$I = b_1X_1 + \dots + b_mX_m$$

ja

$$I_{-i} = b_1X_1 + \dots + b_{i-1}X_{i-1} + b_{i+1}X_{i+1} + \dots + b_mX_m.$$

Cunningham, E.P. (The relative efficiencies of selection indexes. Acta. Agric. Scand. 19, 45-48, 1969) näitas, et

$$\sigma_I^2 - \sigma_{I_{-i}}^2 = (b_i)^2 / W_{ii}, \quad (5.10)$$

kus W_{ii} on fenotüübil mõõdetud erinevuste dispersioonimaatriksi \mathbf{P} pöördmaatriksi vastav diagonaalielement,

$$\mathbf{P}^{-1} = \mathbf{W} = \begin{pmatrix} W_{11} & \dots & W_{1m} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ W_{m1} & \dots & W_{mm} \end{pmatrix}.$$

Indeksi täpsuse muutus avaldub kujul

$$r_{IA} - r_{I_{-i}A} = \frac{\sqrt{\sigma_I^2} - \sqrt{\sigma_I^2 - (b_i)^2 / W_{ii}}}{\sqrt{\sigma_A^2}}$$

ja **suhteline efektiivsus**, mõõdetuna i . informatsiooniallika X_i osakaaluna kogu indeksi täpsusest, kujul

$$\frac{r_{I_{-i}A}}{r_{IA}} = \sqrt{\frac{\sigma_I^2 - (b_i)^2 / W_{ii}}{\sigma_I^2}}. \quad (5.11)$$

5.2 ARETUSVÄÄRTUSE PROGNOOSIMINE VAID ÜHELE INFORMATSIOONIALLIKALE TUGINEDES

Aretusteoorias defineeritakse indiviidi aretusväärtus enamasti kui tema lõpmatu arvu järglaste keskmise fenotüübiväärtuse \bar{P}_∞ kahekordne erinevus populatsiooni keskmisest \bar{P} :

$$A = 2(\bar{P}_\infty - \bar{P}). \quad (5.12)$$

Kuna reaalses arvutustes ei saa kunagi olla tegu lõpmatu suure järglaste grupiga, kasutatakse täpsemate tulemuste saamiseks kordaja 2 asemel mitmesuguseid järglaste arvu ja uuritava tunnuse geneetilise determineerituse määraga arvestavaid kordajaid, mille kuju leitakse selektsooniindeksi kordajate valemest (5.2) ja (5.3) lähtuvalt.

Tänu oma lihtsusele leiab valem (5.12) vahel siiski ka praktilist rakendust, saamaks hinnangut indiviidi aretusväärtuse ülemisele piirile, omamata mingit eelinfot uuritava tunnuse geenidest tingituse kohta.

5.2.1 Aretusväärtuse prognoosimine indiviidi enese ühekordselt mõõdetud fenotüübiväärtuse alusel

Kui igal indiviidil on mõõdetud vaid üks selektsooni aluseks oleva tunnuse väärtus, on indiviidi i aretusväärtus selektsooniindeksi definitsioonist (5.1) lähtudes prognoositav valemist

$$\hat{A}_i = b(P_i - \bar{P}), \quad (5.13)$$

kus P_i tähistab fenotüübiväärtust indiviidil i ja \bar{P} populatsiooni keskmist fenotüübiväärtust. Kordaja b määramiseks saame lähtudes indiviidi fenotüübiväärtuse esitusest geneetilise mudeli (4.3) kujul,

$$P_i = \bar{P} + A_i + E_i,$$

välja kirjutada valemi (5.2):

$$b = \text{cov}(A_i, P_i - \bar{P}) / \text{var}(P_i - \bar{P}) = \text{cov}(A_i, A_i + E_i) / \text{var}(P_i) = \sigma_A^2 / \sigma_P^2 = h^2$$

(\bar{P} on konstant, mistõttu $\text{var}(\bar{P}) = 0$ ja $\text{cov}(A, \bar{P}) = 0$, lisaks eeldatakse keskkonna ja genotüübi sõltumatust, millest tulenevalt $\text{cov}(A, E) = 0$).

Indeksi täpsus on vastavalt valemile (5.7) leitav seosest

$$r_A = \sqrt{b \times \text{cov}(A_i, P_i)} / \sigma_A = \sqrt{b \times \sigma_A^2} / \sigma_A = \sqrt{b} = \sqrt{h^2} \quad (5.14)$$

ja aretusväärtuse standardviga avaldub kujul $se(A) = h^2 \sigma_P$. Seega sõltub see, kui täpselt indiviidi enese fenotüübiväärtus tema aretusväärtust kirjeldab, vaid uuritava tunnuse päritavusest vaadeldavas populatsioonis. Aretusväärtuse hinnangu varieeruvus sõltub lisaks ka uuritava tunnuse dispersioonist.

Näide 5.1. Olgu aastavanuse mullika kehamass 320 kg ning kogu karja keskmine vastav näitaja 250 kg. Arvutame mullika aretusväärtuse ja saadud hinnangu täpsuse eeldusel, et aastase kehamassi päritavus on 0,45.

Vastavalt valemile (5.13) ja (5.14) saame:

$$\hat{A} = 0,45 \times (320 - 250) = 31,5 \text{ kg}, \quad r_A = \sqrt{0,45} = 0,67.$$

5.2.2 Aretusväärtuse prognoosimine indiviidi enese korduvalt mõõdetud fenotüübiväärtuste alusel

Eeldame, et indiviidil on selektsooni aluseks oleval tunnusel sooritatud n mõõtmist ning kõigi mõõtmiste dispersioon on sama nagu ka kõigi mõõtmiste vahelised keskkonnamõjudest tingitud korrelatsioonid (kõik sama looma mõõtmiste vahelised geneetilised korrelatsioonid võrduvad ühega, sest tegu on ju ühe ja sama tunnusega, mis on mõjutatud samade geenide poolt).

Tähistame indiviidi i mõõtmiste keskmise \bar{P}_i . Vaatlusaluse looma aretusväärtus on siis avaldatav seosenä

$$\hat{A}_i = b(\bar{P}_i - \bar{P}), \quad (5.15)$$

kus

$$b = \text{cov}(A_i, \bar{P}_i - \bar{P}) / \text{var}(\bar{P}_i - \bar{P}) = \text{cov}(A_i, \bar{P}_i) / \text{var}(\bar{P}_i).$$

Et vastavalt valemile (3.11) avaldub indiviidil i sooritatud j . mõõtmise tulemus P_{ij} kujul $P_{ij} = \bar{P} + G_i + E_{pi} + E_{ij}$ (genotüübiefekt G_i ja püsiv keskkonnaefekt E_{pi} on kõigil mõõtmistel samad ja ei sõltu seega konkreetse mõõtmise järjekorranumbrist j), siis avaldub n mõõtmise keskmine seosena $\bar{P}_i = \bar{P} + G_i + E_{pi} + \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n E_{ij}$, kus E_{ij} on mõõtmisele j vastav juhuslik keskkonnamõju. Seega

$$\text{cov}(A_i, \bar{P}_i) = \text{cov}(A_i, G_i + E_{pi} + \sum_n E_{ij}/n) = \text{cov}(A_i, G_i) = \sigma_A^2$$

ja, eeldades genotüübi ning püsiva ja juhuslikku keskkonnamõju sõltumatust,

$$\text{var}(\bar{P}_i) = \text{var}(G_i) + \text{var}(E_{pi}) + \text{var}\left(\sum_{j=1}^n E_{ij}/n\right).$$

Arvestades, et kõik juhuslikud vead E_{ij} on eeldatavalt sama dispersiooniga, avaldub viimane liidetav vastavalt dispersiooni omadustele kujul

$$\text{var}\left(\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n E_{ij}\right) = \frac{1}{n^2} \sum_{j=1}^n [\text{var}(E_{ij})] = \frac{1}{n^2} n \text{var}(E) = \text{var}(E)/n.$$

Et vastavalt korduvuse definitsioonile (3.12) $R = [\text{var}(G) + \text{var}(E_p)]/\text{var}(P)$ ja sellest järelduvalt

$$1 - R = \frac{\text{var}(P) - \text{var}(G) - \text{var}(E_p)}{\text{var}(P)} = \frac{\text{var}(E)}{\text{var}(P)},$$

siis

$$\text{var}(\bar{P}_i) = \frac{\text{var}(P)[\text{var}(G) + \text{var}(E_p)]}{\text{var}(P)} + \frac{\text{var}(P)\text{var}(E)}{n\text{var}(P)} = \sigma_P^2 R + \frac{\sigma_P^2(1-R)}{n} = \left[R + \frac{(1-R)}{n} \right] \sigma_P^2.$$

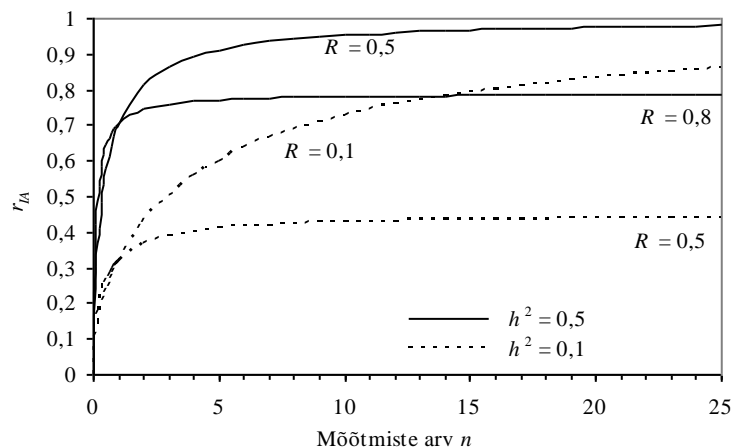
Seega avaldub selektsiooniindeksi (5.15) kordaja b kokkuvõtteks seosest

$$b = \frac{\sigma_A^2}{[R + (1-R)/n]\sigma_P^2} = \frac{h^2}{[nR + 1 - R]/n} = \frac{nh^2}{[1 + (n-1)R]}.$$

Indeksi täpsus on tänu seosele (5.7) leitav valemist

$$r_{NA} = \sqrt{b \times \text{cov}(A_i, \bar{P}_i)} / \sigma_A = \sqrt{b \times \sigma_A^2} / \sigma_A = \sqrt{b} = \sqrt{\frac{nh^2}{[1 + (n-1)R]}}.$$

Joonisel 5.1 on kujutatud indiviidi aretusväärtuse hinnangu täpsus sõltuvalt mõõtmiste arvust ning päritavuskoefitsiendi ja korduvuse väärtustest. Mida suurem on päritavuskoefitsiendi väärtus ja mida rohkem on sooritatud mõõtmisi, seda täpsem on aretusväärtuse hinnang. Korduvuse kõrge väärtus pärsib lisamõõtmiste positiivset mõju aretusväärtuse hinnangu täpsusele – see on ka loomulik, sest kõrge korduvuse korral on kõigi samal indiviidil sooritatud mõõtmiste tulemused üsna sarnased ega sisalda märkimisväärselt lisainformatsiooni, mida saaks ära kasutada aretusväärtuse hindamiseks. Lisamõõtmiste positiivne efekt aretusväärtuse hinnangu täpsusele ilmneb eelkõige madala päritavuse ja korduvuse korral, kõrge päritavuse ja eelkõige kõrge korduvuse korral ei ole lisamõõtmistel erilist mõtet.



Joonis 5.1. Indiviidi aretusväärtuse hinnangu täpsus sõltuvalt mõõtmiste arvust ning päritavuskoefitsiendi ja korduvuse väärtustest.

Näide 6.2. Eeldame, et lehm Roosi kolme esimese laktatsioonikuu keskmine piimatoodang oli 7000 kg. Leiame Roosi piimatoodangu aretusväärtuse eeldusel, et karja keskmine sama perioodi piimatoodang oli 6000 kg, esimese 3 kuu piimatoodangu päritavus on 0,3 ja korrelatsioon 3 kuu toodangute vahel (korduvus) on 0,5.

Vastavalt valemile (5.15) saame:

$$\hat{A} = b(7000 - 6000),$$

kus

$$b = 3 \times (0,3) / [1 + (3-1) \times 0,5] = 0,45,$$

millest

$$\hat{A} = 0,45 \times (7000 - 6000) = 450 \text{ kg.}$$

Aretusväärtuse hinnangu täpsuseks saame $n_A = \sqrt{0,45} = 0,67$.

5.2.3 Aretusväärtuse prognoosimine järglaste fenotüübiväärtuste alusel

Kui uuritava tunnuse väärtused saavad olla mõõdetud üksnes emastel indiviididel, toimub isade aretusväärtuste hindamine enamasti nende järglaste keskmiste väärtuste alusel.

Tähistame vaadeldava isa järglaste keskmist väärtust \bar{P}_s ja eeldame, et järglased on omavahel sugulased vaid isa kaudu. Vaatlusaluse isa aretusväärtus A_s on siis hinnatav seosest

$$\hat{A}_s = b(\bar{P}_s - \bar{P}) \quad (5.16)$$

kus $b = \text{cov}(A_s, \bar{P}_s) / \text{var}(\bar{P}_s)$.

Et $\text{cov}(A_s, \bar{P}_s) = \text{cov}[A_s, \frac{1}{2} A_s + \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\frac{1}{2} A_{di}) + \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n E_i]$, kus A_s ja A_{di} märgivad vastavalt isa ja ema aretusväärtusi ning n tähistab järglaste arvu vaatlusalusel isal, ja et meile pakub huvi üksnes isa poolt järglasele edasi kandunud geneetiline materjal (järglastele mõjuvad emapoolsed aditiivgeneetilised efektid nagu ka kõik mitteaditiivsed geneetilised efektid loetakse kuuluvaks juhuslike keskkonnamõjude hulka, mis uuritava isa aretusväärtusega ei korreleeru), siis

$$\text{cov}(A_s, \bar{P}_s) = \text{cov}(A_s, \frac{1}{2} A_s) = \frac{1}{2} \sigma_A^2.$$

Arvestades, et sama isa aga erinevate emade järglaste aretusväärtuste sarnasus on tingitud just isalt pärandunud geenidest, esitatakse ka järglaste keskmise fenotüübiväärtuse dispersioon $\text{var}(\bar{P}_s)$ isalt pärandunud geenidest tingitud varieeruvuse kaudu:

$$\begin{aligned} \text{var}(\bar{P}_s) &= \text{var}\left[\bar{P} + \frac{1}{2} A_s + \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\frac{1}{2} A_{di} + E_i)\right] = \text{var}\left(\frac{1}{2} A_s\right) + \text{var}\left[\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\frac{1}{2} A_{di} + E_i)\right] \\ &= \frac{1}{4} \text{var}(A_s) + \frac{1}{n} \times \sum_{i=1}^n [\text{var}(\frac{1}{2} A_{di} + E_i)] = \frac{1}{4} \sigma_A^2 + \frac{1}{n} (\sigma_P^2 - \frac{1}{4} \sigma_A^2). \end{aligned}$$

Siin $\frac{1}{4} \sigma_A^2$ on isa aditiivgeneetilisest mõjust tingitud dispersioon ja $\sigma_P^2 - \frac{1}{4} \sigma_A^2$ isalt pärandunud geenide summaarse mõjuga mitte kirjeldatav osa fenotüübilisest varieeruvusest σ_P^2 (viimane hõlmab nii emalt pärandunud geenide mõjust kui ka keskkonningimustest tingitud varieeruvust fenotüübiväärtustes). Et päritavuskoeffitsient $h^2 = \sigma_A^2 / \sigma_P^2$, siis järelikult

$$\frac{1}{4} \sigma_A^2 / \sigma_P^2 = \frac{1}{4} h^2 \quad \text{ja} \quad (\sigma_P^2 - \frac{1}{4} \sigma_A^2) / \sigma_P^2 = 1 - \frac{1}{4} h^2.$$

Viimastest võrdustest tulenevalt

$$\text{var}(\bar{P}_s) = \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 + \frac{1}{n} (1 - \frac{1}{4} h^2) \sigma_P^2, \quad (5.17)$$

millest kordaja indeksis (5.16) saab kuju

$$b = \frac{\frac{1}{2} \sigma_A^2}{\left[\frac{1}{4} h^2 + \frac{1}{n} (1 - \frac{1}{4} h^2)\right] \sigma_P^2} = \frac{\frac{1}{2} n h^2}{\left[\frac{1}{4} n h^2 + (1 - \frac{1}{4} h^2)\right] \sigma_P^2} = \frac{\frac{1}{2} n h^2}{1 + \frac{1}{4} h^2 (n-1)}. \quad (5.18)$$

Kui nüüd eeldada, et järglaste arv $n \rightarrow \infty$, siis $1 + \frac{1}{4} h^2 (n-1) \rightarrow \frac{1}{4} n$ ja $\frac{1}{2} n h^2 \rightarrow \frac{1}{2} n$, mistõttu selektiooniindeksi (5.16) valemiga (5.18) defineeritud kordaja $b = [\frac{1}{2} n h^2] / [1 + \frac{1}{4} h^2 (n-1)] \rightarrow \frac{1}{2} n / \frac{1}{4} n = 2$, andes tulemuseks aretusväärtuse definitsiooni (5.12).

Isa aretusväärtuse hinnangu täpsus avaldub vastavalt valemile (5.7) kujul

$$n_A = \sqrt{\frac{1}{2} \sigma_A^2 \times \frac{\frac{1}{2} n h^2}{1 + \frac{1}{4} h^2 (n-1)}} / \sigma_A = \sqrt{\frac{\frac{1}{4} n h^2}{1 + \frac{1}{4} h^2 (n-1)}}.$$

5.2.5 Kokkuvõtlikult aretusväärtuse prognoosimisest sugulaste fenotüübiväärtuste alusel

Mingi generatsiooni t kuuluva indiviidi aretusväärtuse hindamisel kasutatavad sugulaste fenotüübiväärtused võib laias laastus jagada kolme gruppi:

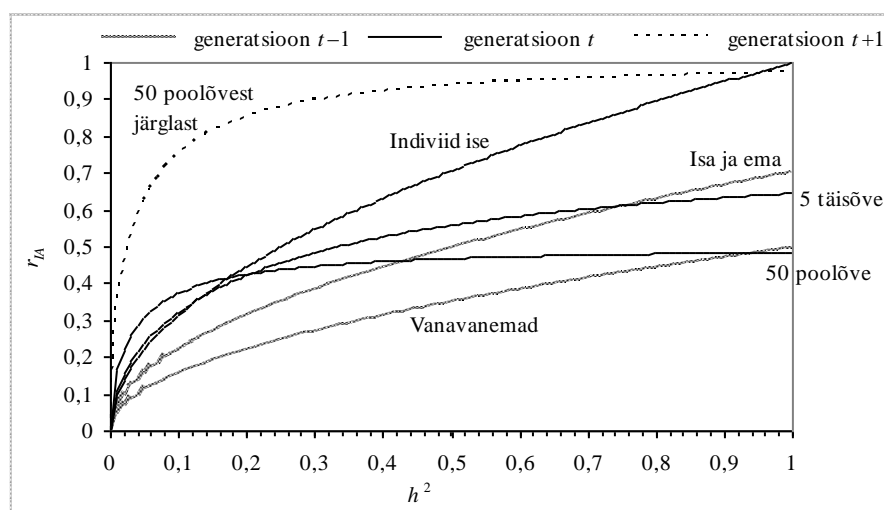
- generatsiooni $t - 1$ (ja vanematesse generatsioonidesse) kuuluvate eellaste (vanemate, vanavanemate jne) fenotüübiandmed;
- generatsiooni t kuuluvate indiviidi enese või tema pool- või täisõvede fenotüübiandmed;
- generatsiooni $t + 1$ (ja edasistesse generatsioonidesse) kuuluvate järglaste fenotüübiandmed.

Tabelisse 5.1 on koondatud selektsiooniindeksi kordaja b ja täpsuse r_{IA} avaldised tüüpilisemate informatsiooniallikate korral (eeldusel, et aretusväärtuse hinnang põhineb üksnes antud infol).

Joonisel 5.4 on aga esitatud aretusväärtuse hinnangu täpsus sõltuvalt päritavuskoeffitsiendi väärtusest ja erinevatel ajajärgudel kättesaadavast informatsioonist.

Tabel 5.1. Selektiiooniindeksi kordaja b ja täpsuse r_{IA} avaldised tüüpilisemate informatsiooniallikate korral (h^2 on päritavus, R korduvus, c_{FS}^2 ja c_{HS}^2 vastavalt täis- ja poolõvedele ühiste mitteadiitiivgeneetiliste mõjude osa kogu fenotüübilisest varieeruvusest).

Informatsioonialikas (kasutatav fenotüübiväärtus)	Selektiiooniindeksi kordaja (b)	Selektiiooniindeksi täpsus (r_{IA})
Vanavanemad (4 väärtuse keskmine)	h^2	$\sqrt{\frac{1}{4}h^2}$
Vanemad (2 väärtuse keskmine)	h^2	$\sqrt{\frac{1}{2}h^2}$
Indiviid ise (1 väärtus)	h^2	$\sqrt{h^2}$
Indiviid ise (n korduva mõõtmise keskmine)	$\frac{nh^2}{1+(n-1)R}$	$\sqrt{\frac{nh^2}{1+(n-1)R}}$
Täisõved (n mõõtmise keskmine)	$\frac{\frac{1}{2}nh^2}{1+(n-1)(\frac{1}{2}h^2+c_{FS}^2)}$	$\sqrt{\frac{\frac{1}{4}nh^2}{1+(n-1)(\frac{1}{2}h^2+c_{FS}^2)}}$
Poolõved (n mõõtmise keskmine)	$\frac{\frac{1}{4}nh^2}{1+(n-1)(\frac{1}{4}h^2+c_{HS}^2)}$	$\sqrt{\frac{\frac{1}{16}nh^2}{1+(n-1)(\frac{1}{4}h^2+c_{HS}^2)}}$
Järglased (n mõõtmise keskmine)	$\frac{\frac{1}{2}nh^2}{1+\frac{1}{4}h^2(n-1)}$	$\sqrt{\frac{\frac{1}{4}nh^2}{1+\frac{1}{4}h^2(n-1)}}$



Joonis 5.4. Aretusväärtuse hinnangu täpsus sõltuvalt päritavuskoeffitsiendi väärtusest ja erinevatel ajajärgudel kättesaadavast informatsioonist (püüvad keskkonnaefektid on loetud võrdseks nulliga).

5.2.6 Aretusväärtuse prognoosimine ühele tunnusele teise kaudu

Aretusväärtused ühele tunnusele on prognoositavad teise tunnuse kaudu, kui nende tunnuste vaheline geneetiline korrelatsioon erineb nullist. Olgu P_{Zi} tunnuse Z väärtus mõõdetuna indiviidil i ja \bar{P}_Z selle tunnuse keskmine fenotüübiväärtus populatsioonis. Indiviidi i aretusväärtus tunnusele Y on siis leitav seleksiooniindeksist

$$I = \hat{A}_{Yi} = b(P_{Zi} - \bar{P}_Z), \quad (5.22)$$

kus $b = \text{cov}(A_Y, P_Z) / \text{var}(P_Z)$.

Kovariatsioon viimases võrduses on vastavalt lineaarsele geneetilisele mudelile (4.3) ja geneetilise korrelatsiooni definitsioonile (4.12) esitatav seosena

$$\text{cov}(A_Y, P_Z) = \text{cov}(A_Y, \bar{P}_Z + A_Z + E_Z) = \text{cov}(A_Y, A_Z) = r_{GYZ} \sqrt{\sigma_{A_Y}^2 \sigma_{A_Z}^2},$$

kus r_{GYZ} , $\sigma_{A_Y}^2$ ja $\sigma_{A_Z}^2$ tähistavad vastavalt geneetilist korrelatsiooni tunnuste Y ja Z vahel ning tunnuste Y ja Z aditiivdispersioone.

Et aditiivdispersioon on päritavuse abil esitatav seosena $\sigma_A^2 = h^2 \sigma_P^2$, avaldub seleksiooniindeksi kordaja b kujul

$$b = r_{GYZ} \sigma_{A_Y} \sigma_{A_Z} / \sigma_{P_Z}^2 = r_{GYZ} \sigma_{P_1} \sigma_{P_2} h_Y h_Z / \sigma_{P_Z}^2 = r_{GYZ} \sigma_{P_1} h_Y h_Z / \sigma_{P_Z}$$

(siin $h = \sqrt{h^2}$ ja $\sigma = \sqrt{\sigma^2}$).

Hinnatud aretusväärtuse täpsus avaldub kujul

$$r_{I_{A_Y}} = \sqrt{\frac{r_{GYZ}^2 \sigma_{A_Y}^2 \sigma_{A_Z}^2}{\sigma_{P_Z}^2 \sigma_{A_Y}^2}} = |r_{GYZ} h_Z|.$$

Näide 5.4. Võtame vaatluse alla 2 tunnust – veiste keskmise ööpäevase massi-iibe (P_1) ja söödatarbe 1 kg juurdekasvu saavutamiseks (söödakasutuse efektiivsuse, P_2) mõõdetuna erinevusena populatsiooni keskmisest. Enamasti on looma söödakasutuse efektiivsuse reaalne mõõtmine komplitseeritud või suisa võimatu ja indiviidide üksnes selle tunnuse alusel järjestamine seetõttu keeruline. Teades aga, et looma ööpäevane juurdekasv ja söödakasutusvõime on tugevalt korreleeritud, võime eeldada muutusi loomade söödakasutusvõimes ka peale üksnes ööpäevasel juurdekasvul baseeruvat seleksiooni.

Omades eelnevatest uuringutest andmeid mõlema tunnuse fenotüübdispersioonide ja päritavuskoeffitsientide ning tunnustevahelise geneetilise korrelatsiooni kohta: $\sigma_{P_1}^2 = 36$, $\sigma_{P_2}^2 = 64$, $h_{P_1}^2 = 0,44$, $h_{P_2}^2 = 0,39$ ja $r_{G12} = -0,65$, saame igale indiviidile hinnata valemist (5.22) tema söödakasutusvõime aretusväärtuse.

Indeksi (5.22) kordaja saame seosest

$$b = r_{G12} \sigma_{P_2} h_{P_2} h_{P_1} / \sigma_{P_1} = -0,65 \times 8 \times \sqrt{0,39 \times 0,44} / 6 = -0,36$$

ja indeks ise on kujul

$$I = \hat{A}_2 = -0,36P_1.$$

Asendades viimases valemis kordaja P_1 konkreetse looma ööpäevase juurdekasvu erinevusega populatsiooni keskmisest, saame teada looma söödakasutuse efektiivsuse aretusväärtuse.

Negatiivne seleksiooniindeksi kaaluparameeter on indikaator sellest, et selekteerides loomi suurema ööpäevase juurdekasvu alusel selekteerime me tegelikult ka parema söödakasutusvõimega loomi (neid, kelle puhul söödakulu on väiksem – mida suurem on P_1 , seda väiksem on \hat{A}_2).

Hinnatud aretusväärtuse täpsus on $r_{I_{A_2}} = |r_{G12} h_{P_1}| = |-0,65 \times \sqrt{0,44}| = |-0,43| = 0,43$.

5.3 NÄITEID MITMELE INFORMATSIOONIALLIKALE TUGINEVATEST SELEKTSIOONIINDEKSITEST

Mitmele informatsiooniallikale tuginevate aretusväärtuse hinnangute puhul leitakse selektsiooniindeksi parameetrid maatriksvõrdusest (5.3). Järgnevalt mõned näited vajalike kovariatsiooni-maatriksite konstrueerimisest ja nende alusel indeksite väärtuste arvutamisest.

5.3.1 Selektsooniindeks korreleeruvate tunnuste korral

Juhul, kui selektsioon baseerub ühel tunnusel, mõõdetud on aga mitut tunnust, mis selektsiooni aluseks olevaga tugevalt korreleeruvad ja võimaldavad seeläbi täpsustada aretusväärtuse hinnangut, on mõttekas kaasata selektsiooniindeksisse kõik tunnused, mille kohta infot omatakse.

Olgu meil mõõdetud fenotüüp kahe tunnuse osas, P_1 ja P_2 , ning baseerugu selektsioon teisel tunnusel. Eesmärk on konstrueerida selektsiooniindeks prognoosimaks aretusväärtusi tunnusele P_2 arvestades mõlema tunnuse mõõtmisi:

$$I = \hat{A}_2 = b_1 P_1 + b_2 P_2.$$

Kaaluparameetrite b_1 ja b_2 arvutamiseks peame välja kirjutama maatriksvõrduse (5.3):

$$\begin{pmatrix} \sigma_{P_1}^2 & \sigma_{P_1 P_2} \\ \sigma_{P_1 P_2} & \sigma_{P_2}^2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_{A_2 P_1} \\ \sigma_{A_2 P_2} \end{pmatrix}.$$

Võrduse paremal poolel asuva vektori elemendid avalduvad lineaarse geneetilise mudeli, päritavuskoefitsiendi ja geneetilise korrelatsioonikordaja definitsioonidest lähtuvalt kujul

$$\sigma_{A_2 P_1} = \text{cov}(A_2, \bar{P}_1 + A_1 + E_1) = \text{cov}(A_2, A_1) = \sigma_{A_2 A_1} = r_{G_{12}} \sigma_{A_1} \sigma_{A_2} = r_{G_{12}} \sigma_{P_1} \sigma_{P_2} h_1 h_2$$

ja

$$\sigma_{A_2 P_2} = \text{cov}(A_2, \bar{P}_2 + A_2 + E_2) = \text{cov}(A_2, A_2) = \sigma_{A_2}^2 = h_2^2 \sigma_{P_2}^2.$$

Võrduse vasakpoolses maatriksis paiknevad fenotüübilised kovariatsioonid saab avaldada fenotüübiliste korrelatsioonide kaudu: $\sigma_{P_1 P_2} = r_{P_{12}} \sigma_{P_1} \sigma_{P_2}$. Kokkuvõttes saame indeksi kaaluparameetrid leida maatriksvõrdusest $\mathbf{b} = \text{var}(\mathbf{X})^{-1} \text{cov}(\mathbf{X}, A) = \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}$:

$$\begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_{P_1}^2 & r_{P_{12}} \sigma_{P_1} \sigma_{P_2} \\ r_{P_{12}} \sigma_{P_1} \sigma_{P_2} & \sigma_{P_2}^2 \end{pmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} r_{G_{12}} \sigma_{P_1} \sigma_{P_2} h_1 h_2 \\ h_2^2 \sigma_{P_2}^2 \end{pmatrix}. \quad (5.23)$$

Näide 5.5. Jätkame näidet 5.5 veiste ööpäevasest juurdekasvust (P_1) ja söödakasutuse efektiivsusest (P_2).

Oletame nüüd, et mõlema tunnuse väärtused on mõõdetud ning selektsiooni aluseks olevaks tunnuseks, millele tahame hinnata aretusväärtusi, on endiselt söödakasutusvõime. Olgu lisaks juba toodud parameetritele ($\sigma_{P_1}^2 = 36$, $\sigma_{P_2}^2 = 64$, $h_{P_1}^2 = 0,44$, $h_{P_2}^2 = 0,39$ ja $r_{G_{12}} = -0,65$) teada ka fenotüübiline korrelatsioon tunnuste vahel, $r_{P_{12}} = -0,83$.

Asendades dispersioonid ja kovariatsioonid valemis (5.23) nende arväärtustega, saame indeksi kaaluparameetriteks

$$\begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 36 & -40 \\ -40 & 64 \end{pmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} -13 \\ 25 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,24 \\ 0,54 \end{pmatrix},$$

mille alusel selektsiooniindeks on

$$\hat{A}_2 = 0,24 P_1 + 0,54 P_2.$$

Sellisel kujul leitud indeksis vastab nii suuremale juurdekasvule kui ka suuremale söödakulule suurem indeksi väärtus (vaikimisi konstrueeritakse selektsiooniindeksid alati nn positiivses suunas – mida suurem on indiviidil mõõdetud tunnuse väärtus võrreldes populatsiooni keskmisega, seda parem). Et parimateks loetakse ikkagi vähima söödakuluga loomi, tuleks antud juhul selekteerida välja väiksema indeksi väärtusega (söödakulu aretusväärtusega) loomad.

Hinnatud aretusväärtuse täpsus on valemist (5.8) lähtuvalt

$$r_{A_2} = \frac{1}{\sqrt{0,39 \times 64}} \left[(-13 \ 25) \begin{pmatrix} 36 & -40 \\ -40 & 64 \end{pmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} -13 \\ 25 \end{pmatrix} \right]^{1/2} = 0,64525.$$

5.3.2 Aretusväärtuse prognoosimine indiviidi enese ja tema vanemate ühekordselt mõõdetud fenotüübiväärtuste alusel

Olgu eesmärgiks hinnata indiviidi aretusväärtust temal enesel ja tema emal ning isal sooritatud mõõtmiste alusel. Tähistades indiviidi enese ja tema ema ning isa fenotüübiväärtuste erinevused populatsiooni keskmisest kui P_o , P_d ja P_s , saame aretusväärtuse hindamiseks kasutatava selektiooniindeksi kujul

$$I = \hat{A}_o = b_1 P_o + b_2 P_d + b_3 P_s. \quad (5.24)$$

Kaaluparameetrite b_1 , b_2 ja b_3 arvutamiseks saame maatriksvõrduse $\underbrace{\text{var}(\mathbf{X})}_{\mathbf{P}} \times \mathbf{b} = \underbrace{\text{cov}(\mathbf{X}, A)}_{\mathbf{G}}$:

$$\begin{pmatrix} \sigma_{P_o}^2 & \sigma_{P_o P_d} & \sigma_{P_o P_s} \\ \sigma_{P_o P_d} & \sigma_{P_d}^2 & \sigma_{P_d P_s} \\ \sigma_{P_o P_s} & \sigma_{P_d P_s} & \sigma_{P_s}^2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_{A_o P_o} \\ \sigma_{A_o P_d} \\ \sigma_{A_o P_s} \end{pmatrix}.$$

Eeldades, et kõik fenotüübiväärtused on leitud ühes ja samas populatsioonis, on kõik fenotüübidispersioonid võrdsed:

$$\sigma_{P_o}^2 = \sigma_{P_d}^2 = \sigma_{P_s}^2 = \sigma_P^2.$$

Oletades, et kogu vanema ja järglase vaheline kovariatsioon on aditiivgeneetiline ning et isa ja ema pole omavahel sugulased, ja teades, et pooled oma geenidest on järglane pärinud ühelt vanemalt ja pooled teiselt vanemalt, avalduvad fenotüübilised kovariatsioonid kujul

$$\sigma_{P_o P_d} = \sigma_{P_o P_s} = \frac{1}{2} \sigma_A^2 = \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2 \quad \text{ja} \quad \sigma_{P_d P_s} = 0.$$

Analoogsete arutelude tulemusena saame, et

$$\sigma_{A_o P_o} = \sigma_A^2 = h^2 \sigma_P^2 \quad \text{ja} \quad \sigma_{A_o P_d} = \sigma_{A_o P_s} = \frac{1}{2} \sigma_A^2 = \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2.$$

Seega on kaaluparameetrid leitavad maatriksvõrdusest

$$\begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_P^2 & \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2 & \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2 \\ \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2 & \sigma_P^2 & 0 \\ \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2 & 0 & \sigma_P^2 \end{pmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} h^2 \sigma_P^2 \\ \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2 \\ \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2 \end{pmatrix}. \quad (5.25)$$

Näide 5.6. Uuritavaks tunnuseks on tallede 100-päeva kehamass päritavusega $h^2 = 0,3$ ja fenotüübidispersiooniga $\sigma_P^2 = 84,3$. Tall, kellele tahame hinnata aretusväärtust, kaalus 100-päevaselt 36 kg, tema isa 46 kg ja ema 34 kg. Populatsiooni keskmine tallede 100-päeva kehamass oli 30,3 kg.

Selektiooniindeksi (5.24) kordajate leidmiseks kirjutame välja maatriksvõrduse (5.25):

$$\begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 84,3 & 12,645 & 12,645 \\ 12,645 & 84,3 & 0 \\ 12,645 & 0 & 84,3 \end{pmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} 25,29 \\ 12,645 \\ 12,645 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,27 \\ 0,11 \\ 0,11 \end{pmatrix},$$

millest analüüsitava talle 100-päeva kehamassi aretusväärtuseks saame

$$\hat{A}_o = 0,27(36 - 30,3) + 0,11(46 - 30,3) + 0,11(34 - 30,3) = 3,65.$$

5.4 KASUMIINDEKSID

Reaalse aretuse eesmärk on loomapidamisest saadava majandusliku kasumi maksimaalne suurendamine. Selleks ei piisa aga üksnes fenotüübiväärtustel ja populatsiooni geneetilistel parameetritel baseeruvast valikust, lisaks on vaja arvestada ka iga selektsiooni all oleva tunnuse ühiku võrra parandamisega kaasneva majandusliku efektiga. Selliseid, iga üldises selektsiooniindeksis sisalduva tunnuse muutumise majanduslikule skaalale üleviimiseks kasutatavaid täiendavaid kaaluparameetreid nimetatakse **majanduslikeks kaaludeks**. Et kogu aretus on suunatud tulevikku, on ka majanduslike kaaluda määramisel vajalik osata ette näha majanduslikku (ja ka poliitilist) situatsiooni tulevikus, samuti on hädavajalik omada võimalikult täpseid andmeid loomakasvatusega kaasnevate kulude ja tulude kohta.

Üldine valem **kasumiindeksi** (nimetatud ka kui **agregaatgenotüüp**, inglise keeles *aggregate genotype*) arvutamiseks on kujul

$$H = v_1A_1 + v_2A_2 + \dots + v_mA_m,$$

kus A_i tähistab tunnuse i aretusväärtust ja v_i selle tunnuse majanduslikku kaalu.

Näide 5.7. Olgu eesti holsteini tõugu lehma Lehvi piima-, rasva- ja valgu 1. laktatsiooni toodangu aretusväärtused vastavalt +600 kg, +10 kg ja +15 kg.

Vastavalt aretusprogrammile on eesmärgiks suurendada eelkõige piima valgu- ja rasvasisaldust, püüdes seejuures jätta kogutoodangu mahu vähemalt samale tasemele. Sellest lähtuvalt võetakse valgutoodangu majanduslikuks kaaluks +4, rasvatoodangu majanduslikuks kaaluks +1 ja piimatoodangu majanduslikuks kaaluks 0.

Lehvi kasumiindeksi väärtuseks (ehk suhteliseks aretusväärtuseks) saame:

$$I = 0 \times 600 + 1 \times 10 + 4 \times 15 = +70.$$

5.5 SELEKTSIOONIINDEKSITE TEISENDAMINE

Tavapäraselt avaldatakse indekseid väärtused mingi fikseeritud keskväärtuse suhtes, andes seejuures ette ka indeksi standardhälbe (keskmise erinevuse keskväärtusest) – saadud indekseid (aretusväärtuseid) nimetatakse **suhtelisteks (jõudluse, välimiku, viljakuse, ...) indeksiteks (aretusväärtusteks)**. Keskmise indeksi väärtus võetakse enamasti võrdseks 100-ga, standardhälve on aga erinevates riikides ja erinevate loomaliikide puhul erinev (näiteks eesti hobuste paremusjärjestusse panekul 20 ja JKK poolt hinnataval lüpsikarja suhtelise piimajõudluse aretusväärtusel 12). Etteantud keskmise ja standardhälbega suhteline indeks I_S (või suhteline aretusväärtus SAV) saadakse esialgsest indeksist I järgmise valemi abil:

$$I_S = \frac{I - \bar{I}}{\sigma_I} \times \sigma_{I_S} + \bar{I}_S,$$

kus \bar{I} ja \bar{I}_S tähistavad vastavalt esialgse ja uue indeksi keskväärtusi ning σ_I ja σ_{I_S} standardhälbeid³.

Näide 5.8. Jätkame eelmise punkti näidet ja oletame, et korrigeerimata indekseid keskväärtus on 0 ja standardhälve 50. Kehtestame uueks keskmiseks 100 ja standardhälbeks 12 punkti. Lehm Lehvi indeksi väärtus +70 teiseneb siis tulemuseks

$$I_S = \frac{I - \bar{I}}{\sigma_I} \times \sigma_{I_S} + \bar{I}_S = \frac{70 - 0}{50} \times 12 + 100 = 116,8 \text{ punkti.}$$

³ Kogu uuritava populatsiooni keskmise indeksi \bar{I} asemel leitakse suhteline indeks sageli mingi kindla loomade-grupi (näiteks hindamishetkest 10-12 aastat tagasi sündinud või kõigi mitteteadaolevate vanematega loomade) keskmise indeksi (aretusväärtuse) suhtes.

5.6 PRAKTIKUM

5.6.1 Ülesanded

1. Uurige, kuidas sõltub isa aretusväärtuse hinnangu täpsus tema järglaste arvust ja päritavuskoeffitsiendi väärtusest.

a) Konstrueerige *Excelis* tabel, kuhu pange kirja potentsiaalsed järglaste arvud n , huvi pakkuvad päritavuskoeffitsiendi h^2 väärtused ja arvutage valemist

$$r_{IA} = \sqrt{\frac{\frac{1}{4}nh^2}{1 + \frac{1}{4}h^2(n-1)}}$$

isa aretusväärtuse hinnangu täpsus.

Potentsiaalne järglaste arv võiks varieeruda 1-st 100-ni ja aretusväärtuse hinnangute täpsused võiks arvutada $h^2 = 0,2$, $h^2 = 0,5$ ja $h^2 = 0,8$ korral.

Illustreerige modelleerimise tulemusi joonisega.

b) Millal on aretusväärtuse hindamiseks (täpsuse seisukohast) vaja rohkem järglasi, $h^2 = 0,2$, $h^2 = 0,5$ või $h^2 = 0,8$ korral?

c) Vähemalt kui mitut järglast on vaja, et isa aretusväärtuse hinnangu täpsus oleks vähemalt 0,8 (eraldi $h^2 = 0,2$, $h^2 = 0,5$ ja $h^2 = 0,8$ korral)?

2. Kolmest huvi pakkuvast eesti tumedapealisest jäärast ühel on kolm, teisel kaks ja kolmandal üks tütar, kellel kõigil on registreeritud 100 päeva mass ja tallede arv esimesel poegimisel. Andmed on esitatud järgmises tabelis.

Jäär	Utt	100 päeva mass	Tallede arv
I	1	22,8	1
I	2	26,2	2
I	3	24,7	1
II	4	26,1	2
II	5	22,5	2
III	6	27,9	1

a) Hinnake jäärade aretusväärtused mõlema tunnuse osas ja arvutage kõigile jääradele nende aretusväärtuste hinnangute täpsus (*accuracy*).

Arvutused võite näiteks koondada järgnevat tüüpi tabelitesse (siin näide 100 päeva massi tarvis).

Jäär	Tütarde arv (n)	100 päeva mass			
		Kordaja selektiooniindeksis (b)	Tütarde keskmine	Tütarde keskmise erinevus pop. keskmisest	Aretusväärtus (AV)
I					
II					
III					

Arvutusteks vajalikud populatsiooni keskmised väärtused ja päritavuskoeffitsiendid on kirjas järgnevas tabelis.

Tunnus	Baaspopulatsiooni		Päritavus (h^2)
	keskmine	standardhälve	
100 päeva mass	25,3	2,76	0,5
Sündinud tallede arv	1,51	0,32	0,1

b) Hinnake kõigile jääradele suhteline aretusväärtus juhul, kui majanduslikud kaalud 100 päeva massile ja sündinud tallede arvule on vastavalt 0,25 ja 0,75.

c) Teisendage suhtelisi aretusväärtuseid nii, et nende keskmine oleks 100 ja standardhälve 10 punkti. Teisendamisel lähtuge sellest, et baaspopulatsioonis (mille suhtes on vaja populatsiooni geneetiliselt hinnata) on keskmine suhteline aretusväärtus 0 standardhälbega 0,5.

Järjestage jäärad suhteliste aretusväärtuste alusel. Arvutused võite näiteks koondada järgnevat tüüpi tabelisse.

Jäär	100 päeva massi aretusväärtus (AV_{100})	Viljakuse aretusväärtus (AV_v)	Suhteline aretusväärtus ($SAV = 0,25AV_{100} + 0,75AV_v$)	Teisendatud suhteline aretusväärtus	Jäära järjekorranumber
I					
II					
III					

d) Kuidas ja kas muutub jäärade paremusjärjestus juhul, kui esmalt teisendada nii 100 päeva massi aretusväärtused (AV_{100}) kui ka viljakuse aretusväärtused (AV_v) punktiskaalale keskmisega 100 ja standardhälbega 10 punkti (tulemuseks on suhtelised 100 päeva massi ja viljakuse aretusväärtused SAV_{100} ja SAV_v) ning arvutada siis suhtelise kasumiindeksi ehk üldaretusväärtuse väärtused kujul $SKAV = 0,25 \times SAV_{100} + 0,75 \times SAV_v$? Miks?

Arvutused võite näiteks koondada järgnevat tüüpi tabelisse.

Jäär	100 päeva massi aretusväärtus (AV_{100})	Viljakuse aretusväärtus (AV_v)	Suhteline 100 päeva massi aretusväärtus (SAV_{100})	Suhteline viljakuse aretusväärtus (SAV_v)	Suhteline üldaretusväärtus ($SKAV = 0,25 \times SAV_{100} + 0,75 \times SAV_v$)	Jäära järjekorranumber
I						
II						
III						

3. Teil on vaja hinnata aretusväärtused kümnele omavahel suguluses mitteolevale loomale. Vahendeid (rahalisi, ajalisi jne) on määramaks 20 fenotüübiväärtust.

Oletame, et kõigil loomadel on fenotüübiväärtused soovi korral määratavad korduvalt, samuti on fenotüübiväärtusi võimalik määrata nii looma emal, järglastel kui ka poolõdedel.

Milline fenotüübiväärtuste määramise strateegia annab täpseimad aretusväärtuste hinnangud, kui

a) $h^2 = 0,25$, $R = 0,5$ ja $c^2 = 0$;

b) $h^2 = 0,25$, $R = 1$ ja $c^2 = 0$;

c) $h^2 = 0,25$, $R = 0,5$, $c^2 = 0$ ja loomal enesel pole fenotüübiväärtuste määramine võimalik.

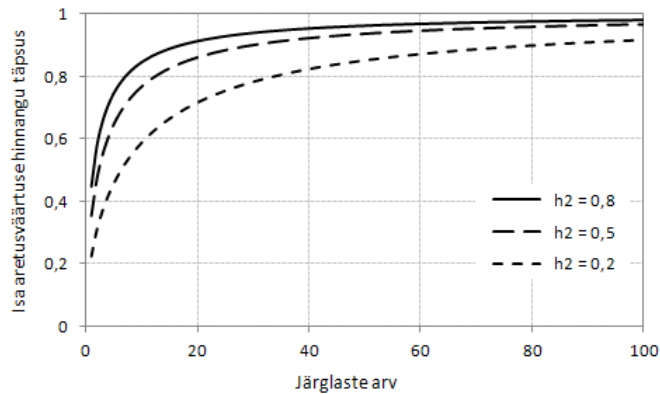
Lahendamiseks kasutage programmi http://www.eau.ee/~ktanel/VL_0192/stselind_est.xls.

5.6.2 Ülesannete lahendused

1. a) Arvutused võib *Excelis* koondada tabelisse järgmisel viisil:

C2 =SQRT((0,25*A2*B2)/(1+0,25*B2*(A2-1)))											
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
1	Järglaste arv	Päritavus h^2	Täpsus r_{IA}		Järglaste arv	Päritavus h^2	Täpsus r_{IA}		Järglaste arv	Päritavus h^2	Täpsus r_{IA}
2	1	0,2	0,223606798		1	0,5	0,353553391		1	0,8	0,447213595
3	2	0,2	0,3086067		2	0,5	0,471404521		2	0,8	0,577350269
4	3	0,2	0,369274473		3	0,5	0,547722558		3	0,8	0,654653671
5	4	0,2	0,417028828		4	0,5	0,603022689		4	0,8	0,707106781
6	5	0,2	0,456435465		5	0,5	0,645497224		5	0,8	0,745355992

Ja modelleerimise tulemusi illustreeriv joonis võiks olla järgmine:



b) Mida väiksem on päritavuskoeffitsiendi väärtus, seda rohkem järglasi on sama hindamistäpsuse saavutamiseks vaja.

c) Selleks, et isa aretusväärtuse hinnangu täpsus oleks vähemalt 0,8, on $h^2 = 0,2$ korral vaja vähemalt 34 järglast, $h^2 = 0,5$ korral vähemalt 13 järglast ja $h^2 = 0,8$ korral vähemalt 8 järglast isa kohta.

2. a)

Jäär	Tütarde arv (n)	100 päeva mass				
		Kordaja selektiooniindeksis (b)	Tütarde keskmine	Tütarde keskmise erinevus pop. keskmisest	Aretusväärtus (AV)	Aretusväärtuse hinnangu täpsus (r)
I	3	0,60	24,57	-0,73	-0,440	0,55
II	2	0,44	24,30	-1,00	-0,444	0,47
III	1	0,25	27,90	2,60	0,650	0,35

Jäär	Tütarde arv (n)	Tallede arv				
		Kordaja selektiooniindeksis (b)	Tütarde keskmine	Tütarde keskmise erinevus pop. keskmisest	Aretusväärtus (AV)	Aretusväärtuse hinnangu täpsus (r)
I	3	0,143	1,33	-0,18	-0,025	0,267
II	2	0,098	2,00	0,49	0,048	0,221
III	1	0,050	1,00	-0,51	-0,026	0,158

b), c)

Jäär	100 päeva massi aretusväärtus (AV_{100})	Viljakuse aretusväärtus (AV_v)	Suhteline aretusväärtus ($SAV = 0,25AV_{100} + 0,75AV_v$)	Teisendatud suhteline aretusväärtus	Jäära järjekorranumber
I	-0,44	-0,0252	-0,1289	97,42	3
II	-0,444	0,0478	-0,0753	98,49	2
III	0,65	-0,0255	0,1434	102,87	1

Jäär III on selgelt kõrgeima suhtelise aretusväärtusega. Tingitud on see sellest, et kuna kehamassi mõõteskaala on märksa suurem tallede arvu mõõteskaalast, peegeldab leitud suhteline aretusväärtus eelkõige erinevust tallede 100 päeva massis. Ja seda hoolimata 100 päeva kehamassile omistatud kolm korda väiksemast majanduslikust kaalust võrreldes tallede arvuga. Sestap võib eelnevalt samale skaalale (näieks rahalisele või punktiskaalale) teisendamata aretusväärtuste ühendamine ühte indeksisse anda valed tulemused.

d)

Jäär	100 päeva massi aretusväärtus (AV_{100})	Viljakuse aretusväärtus (AV_v)	Suhteline 100 päeva massi aretusväärtus (SAV_{100})	Suhteline viljakuse aretusväärtus (SAV_v)	Suhteline üldaretusväärtus ($SKAV = 0,25 \times SAV_{100} + 0,75 \times SAV_v$)	Jäära järjekorranumber
I	-0,44	-0,0252	97,75	97,51	97,57	3
II	-0,444	0,0478	97,72	104,72	102,97	1
III	0,65	-0,0255	103,33	97,48	98,94	2

...

3. Kuna aretusväärtuseid on vaja kümnele loomale ja määrata saab 20 fenotüübiväärtust, on loomulik, et iga looma aretusväärtus tuleks hinnata kahe fenotüübiväärtuse alusel.

Variandi a) puhul on aretusväärtuste hinnangud täpseimad juhul, kui määrata fenotüübiväärtused igal loomal enesel kaks korda: $r_{IA} = 0,577$. Juhul, kui sooritada loomal enesel vaid üks mõõtmine ja teine mõõtmine sooritada looma emal või järglasel, on saadava aretusväärtuse hinnangu täpsus mõlemal juhul 0,535.

Variandi b) puhul, kui korduvus on 1, annab täpseimad aretusväärtuse hinnangud strateegia, mille kohaselt sooritatakse loomal enesel üks mõõtmine ja teine mõõtmine tehakse kas looma emal või järglasel, aretusväärtuse hinnangu täpsus on siis analoogselt juhuga a) 0,535 (sest kui sooritada igal loomal vaid üks mõõtmine, ei oma korduvuse väärtus mingit rolli). Looma enese kahekordse mõõtmise korral on aretusväärtuse hinnangu täpsus 0,5, sest 100%-lise korduvuse puhul ei anna sama looma lisamõõtmine mingit lisainfot. Kui ema või järglste infot ei ole käepärast, tuleks loomale enesele lisaks mõõta ära ka üks ta poolõde, sellisel juhul $r_{IA} = 0,509$.

Variandi c) puhul on võrdselt head variandid mõõta ära kaks järglast või ema ja üks järglane, mõlemal juhul $r_{IA} = 0,343$.

5.7 ÜLESANDED

1. Tunnuse päritavus on 0,3 ja korduvus 0,4. Kas selektsioon, mis baseerub antud tunnuse kahekordisel määramisel samal loomal, on rohkem või vähem täpne võrreldes seitsmel järglasel (poolõed) määratud väärtustel baseeruva selektsiooniga?
2. Lähtudes valemist (5.12) leia aretusväärtused tabelis 1 toodud eesti tõugu täkkudele nende järglaste hindamistulemuste alusel eraldi kõigile tunnustele.
 - Arvuta igale täkule kasumiindeksi väärtus võttes aluseks tabelis 2 toodud majanduslikud kaalud.
 - Teisenda kasumiindeksi väärtuseid nii, et nende keskmine oleks 100 ja standardhälve 20, ning järjestä takud saadud indeksiväärtuste alusel.
 - Kas oskate välja pakkuda sellise majanduslike kaalude kombinatsiooni, mille korral oma majandusgeneetiliselt potentsiaalilt esimene ja viimane täkk vahetaksid kohad?
 - Hinnake täkkudele aretusväärtused, kasutades kordaja 2 asemel valemiga (5.18) määratud kordajat. Lihtsuse mõttes võib kõigi hinnatud näitajate päritavuse võtta võrdseks 0,25-ga. Kas täkkude aretusväärtused ja paremusjärjestus muutuvad?

PS. Tulemused võite vormistada tabeli 3 kujul.

Tabel 1. Viie eesti tõugu täku järglaste hindamistulemused 2000. aastast

Hobuse nimi	Isa	Tõutüüp	Kehaehitus	Jalad	Samm	Traav	Vabahüpe
Vaida	Vigur 682 E	7	8	7	7	7	8
Vaara	Vigur 682 E	7	8	7	6	6	7
Villu	Vigur 682 E	7	7	6	8	6	6
Viker	Vigur 682 E	6	6	6	7	7	5
Teini	Tukker 703 E	8	9	7	8	7	8
Taara	Tukker 703 E	7	8	6	7	6	7
Tenor	Tiktor 697 E	6	6	7	6	7	6
Tommy	Tiktor 697 E	7	7	7	6	6	7
Relli	Rosett 600 E	7	7	7	7	7	9
Rollu	Rosett 600 E	6	7	8	7	6	6
Raul	Rommik 710 E	8	8	7	7	6	7
Rolf	Rommik 710 E	9	8	8	7	7	7
Ruubik	Rommik 710 E	7	6	5	6	5	6

Tabel 2. Tunnuste majanduslikud kaalud

	Tõutüüp	Kehaehitus	Jalad	Samm	Traav	Vabahüpe
Majanduslik kaal	1	1	1,5	2	2	2,5
Majanduslik kaal (2)

Tabel 3. Tulemuste tabel

	Täkid					Üld- keskmine	Standard- hälve
	Vigur	Tukker	Tiktor	Rosett	Rommik		
Järglaste keskmine	Tõutüüp						
	Kehaehitus						
	Jalad						
	Samm						
	Traav						
	Vabahüpe						
Aretus- väärtus	Tõutüüp						
	Kehaehitus						
	Jalad						
	Samm						
	Traav						
	Vabahüpe						
Kasumiindeks							
Teisend. kasumiindeks						100	20
Jrk. nr.							
Kasumiindeks (2)							
Teisend. kasumiindeks (2)						100	20
Jrk. nr. (2)							
Päritavus $h^2 = 0,25$							
Järglaste arv n							
Aretus- väärtus [vale- mi (5.18) abil]	Tõutüüp						
	Kehaehitus						
	Jalad						
	Samm						
	Traav						
	Vabahüpe						
Kasumiindeks							
Teisend. kasumiindeks						100	20
Jrk. nr.							