

FORMULEBLAD

H1

- Varians (σ^2): maat voor variatie
- Covarians (**cov**): maat voor gelijkheid
- Standaardafwijking: σ
- Variatiecoëfficiënt: σ/μ
- **A**: additieve genenwerking (accumulatief geneneffect)
- Fokwaarde: additief genetische waarde
- **D**: dominante genenwerking (dominante en recessie-allelen relaties tussen allelen binnen loci; bv: dD)
- Populatiegemiddelde μ = gemiddelde waarde van N/N en n/n + de frequentie afhankelijk afwijking (**AFW**)
- **E**: epistatische genenwerking (genetische interacties van allelen tussen loci; bv: aaZ.)
- Fokkersvreugde: nakomelingen gemiddeld beter dan hun fenotypische matige ouders
- Fokkersverdriet: nakomeling gemiddeld minder goed dan hun fenotypische goede ouders
- **F**(enotype) = **G**(enotype) + **M**(milieu) ($G=A+D+E$)
- $\sigma^2_F = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_E + \sigma^2_M$
- milieu invloeden: diereigen (geslacht, maternaal, leeftijd) + externe (bedrijf, jaar, seizoen, voeding)
- Genotype-milieu interactie (**GMI**): genotype 1 komt relatief beter tot zijn recht in een bepaald specifiek milieu dan genotype 2
- Maternale invloeden (bv: mijlezel-muuldier) zijn genetisch begrensd
- Systemische worpeffect (**SW**): maternale invloed + systematische milieu-invloed (kraamstal, worpgrootte,...)

H2

- Verwantschapcoëfficiënt: genetische correlatie tussen verwante individuen (bloedaandeel/colaterale verwantschap)
- Bloedaandeel ($B_{Ax} = (1/2)^m$): binnen stamboom
- Collaterale verwantschap ($R_{xy} = \sum (1/2)^{m+n}$): 2 individuen met min 1 gemeenschappelijke (voor)ouder
- Inteeltgraad = **F** = $H_v - H_w / H_v$ (**H**=heterozygoten; **w**= waargenomen; **v**= verwacht)
- $H_v = 2pqN$ (N = populatiegrootte; p en q = berekende genenfrequenties)

- **Ne**: het aantal individuen dat in een ad random parende populatie aanleiding zou geven tot een bepaalde inteeltgraad.
- $Ne = (4 \cdot n_{\text{man}} \cdot n_{\text{vr}}) / (n_{\text{man}} + n_{\text{vr}})$
- $\delta_F = 1/2Ne$
- inteeltdepressie: gemiddelde kwantitatieve productie daalt
- inteeltdepressie = $-2pqdF$ (d = dominante genenwerking komt tussen)
- hoe groter **p** en **q** (genenfrequenties), hoe groter de inteeltschade
- heterosis: inkruisen van inteeltlijnen genereert de grootste bastaardkracht bij de nakomelingen
- maximale toelaatbare F-waarde: <10%; zeker regressie bij >20%

H3

- h^2 = erfelijkheidgraad = heritability
- $h^2_{IEZ} = \sigma^2_A / \sigma^2_F$
- $h^2_{IBZ} = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_E / \sigma^2_F$ (hier ook niet-additieve invloed)
- fokwaard = **A**; fenotypewaarde = **F**
- gen. regressiecoëfficiënt van de A en F $b_{AF} = h^2 = \text{COV}_{AF} / \sigma^2_F$
- gen. correlatiecoëfficiënt tussen A en F $r_{AF} = h$
 - $r_{AF} = \text{COV}_{AF} / (\sigma_A \cdot \sigma_F)$
 - $r_{AF} = \text{COV}_{AF} \cdot \sigma_F / (\sigma_A \cdot \sigma^2_F)$
 - $r_{AF} = b_{AF} \cdot (\sigma_F / \sigma_A)$
 - $r_{AF} = h^2 \cdot (1/h)$
 - $r_{AF} = h$
- bij selectie: daling σ^2_A , dus h^2 stijgt ($h^2_{IEZ} = \sigma^2_A / \sigma^2_F$)
- bij uniformisering minder invloed van milieu (uitbatingssomstandigheden): daling σ^2_F , dus h^2 daalt.
- Fenotypische gelijkens uitdrukken mbv **regressies (b)** bij vergelijking van ouders en nakomelingen.
- Fenotypische gelijkens uitdrukken mbv **correlaties (k)** bij vergelijking van half verwanten (HV), volle verwanten (VV) of beide samen.
- Daaruit af te leiden: $h^2 = b/r$; $h^2 = k/r$
- **r** stijgt bij inteelt dus h^2 daalt.
- N=nakomeling, O= ouder, Og= gemiddelde ouder, Ng= gemiddelde nakomeling
- Fenotypisch verband berekenen N-O: $b_{NO} = \text{COV}_{ON} / \sigma^2_O$

- $h^2 = 2b_{NO}$
- $h^2 = b_{NOg}$
- Standaardafwijking s_E van h^2 berekenen
- Significantie van h^2 berekenen met t-test: $t = h^2 / s_E$
- Collaterale verwanten zijn onderverdeeld in families: $\sigma_F^2 = \sigma_b^2 + \sigma_t^2$
 - σ_F^2 : totale fenotypische variatie
 - σ_b^2 : variatie binnen families
 - σ_t^2 : variatie tussen families
- fenotypisch correlatie: $k = cov_v / \sigma_F^2$
- $cov_v = \sigma_T^2 \rightarrow k = \sigma_T^2 / \sigma_F^2$
- $k = cov_v / \sigma_F^2 = \sigma_T^2 / \sigma_F^2$
- $h^2 = 4k$ (halve verwanten)
- Significantie van h^2 berekenen met t-test: $t = h^2 / s_E$
- Minmale familie grootte (**mfg**)
 - Te kleine families: meer invloed vanwege het toeval
 - **mfg = $1/k = 4/h^2$** ($k = (1/4)h^2$)
 - hoe lager h^2 , hoe groter de families moeten zijn
- **minimale aantal families**: bij gelimiteerde onderzoekscapaciteit (**N**): beter een groter aantal kleine familie, dan een kleiner aantal grotere families.
- $h^2 = 2k$ (volle verwanten)
 - $cov_{vw} = 1/2\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_{sw}^2$
 - sw: systemische worpeffect
- gemengd model halve en volle verwanten
 - variatie te wijten aan de vaders: $h_v^2 = cov_{Hv} / \sigma_F^2$
 - variatie te wijten aan de moeders: $h_w^2 = cov_{vw} / \sigma_F^2$
 - systematisch worpeffect $c^2 = 1/4(h_m^2 - h_v^2)$
- erfelijkheidsgraad bij inteelt: h_F^2
 - $h_F^2 = (\sigma_A^2 - F\sigma_A^2) / (\sigma_F^2 - F\sigma_A^2)$
 - bij inteelt afname genetisch variatie, evenredig met F \rightarrow afname met $F\sigma_A^2$
 - h_F^2 daalt

- h^2 van drempelkenmerken
 - $h^2 = 2b$ (regressie)
- de varians wordt bepaald door de frequentie p (=frequentie waarmee een afwijking voorkomt)
 - $\sigma^2 = pqN$
- $h^2 = h^2_{01} \cdot (1-p)/pi^2$
 - h^2_{01} = mbt binomiale waarnemingen (fenotypisch; al of niet situatie)
 - h^2 = mbt onderliggende normale verdeling (genetisch; vatbaarheid)
 - frequentie afhankelijk verband tussen beide (p)
 - i = selectie- intensiteit (link tussen p en normale verdeling uit tabel)

H4

- herhaalbaarheid: t
 - correlatie tussen opeenvolgende metingen voor eenzelfde kenmerk bij eenzelfde individu.
- Milieuvloeden
 - Permanente (**PM**): geslacht, bedrijf, basis voeding, verzorging
 - Tijdelijke (**TM**): veroudering, ziekte, seizoensgebonden verschillen voeder, macro- en microklimaat, slechte metingen
 - TM kunnen resultaten beïnvloeden bij herhalingen in de tijd
- $t = \frac{\sigma^2_G + \sigma^2_{PM}}{\sigma^2_G + \sigma^2_{PM} + \sigma^2_{TM}} = \frac{\sigma^2_T}{\sigma^2_T + \sigma^2_b}$
 - σ^2_T : variatie tussen dieren, veroorzaakt door hun genetische verschillen (σ^2_G) en door permanent milieu (σ^2_{PM})
 - σ^2_b = variatie binnen dieren (tussen herhaalde metingen), veroorzaakt door tijdelijk milieu (σ^2_{TM})