

Przykład

W tabeli 2.11 zawarte są wyniki analizy kowariancji wydajności tłuszczu (cecha X) i zawartości tłuszczu (cecha Y) w pierwszej laktacji krów, przy czym populacja służąca do obliczeń składała się z $N = 40$ grup półrodzeństwa po $n = 50$ osobników każda. Na tej podstawie oszacowano wielkość współczynnika korelacji genetycznej, środowiskowej i fenotypowej.

Tabela 2.11. Tabela analizy kowariancji dla przykładu szacowania współczynnika korelacji genetycznej między wydajnością tłuszczu a zawartością tłuszczu w mleku pierwiastek

Źródło zmienności	Liczba stopni swobody	Suma kwadratów odchyłeń		Suma iloczynów
		Cecha X	Cecha Y	
Między grupami	39	253 500	196,95	2667,60
Wewnątrz grup	1960	2 940 000	1078	16 464

Odpowiednie cov_s i cov_e uzyskuje się analogicznie do średnich kwadratów odchyłeń w analizie wariancji (patrz podrozdz. 2.2.7):

$$cov_e = 16\,464/1960 = 8,4$$

$$cov_s = [(2667,7/39) - 8,4]/50 = 1,2.$$

Na tym etapie określone zostały już wszystkie wartości niezbędne do obliczenia trzech współczynników korelacji:

$$r_g = 1,2/(\sqrt{100} \cdot \sqrt{0,09}) = 0,4$$

$$r_e = (8,4 - 3 \cdot 1,2)/\sqrt{(1500 - 3 \cdot 100) \cdot (0,55 - 3 \cdot 0,09)} = 0,26$$

$$r_p = (8,4 + 1,2)/\sqrt{(1500 + 100) \cdot (0,55 + 0,09)} = 0,3.$$

Zatem w przypadku tej pary cech w analizowanej populacji współczynniki korelacji genetycznej, środowiskowej i fenotypowej wynoszą, odpowiednio: 0,4, 0,26 i 0,3.

Korelacje genetyczne można też szacować, obliczając korelację między wartościami hodowlanymi pod względem dwóch cech mierzonych na zwierzęciu. Chociaż dokładność oszacowań uzyskanych w ten sposób może być mniejsza, to jednak podejście to ma ważną zaletę, polegającą na tym, że pozwala określić wielkość związku między cechami mierzonymi na różnych zwierzętach i opisywanych zupełnie innymi modelami, np. korelacja między wartością hodowlaną dla emisji metanu zmierzonej na grupie

krów a wartością hodowlaną długowieczności oszacowaną na podstawie informacji rodzinowej. Szacowanie współczynnika korelacji genetycznej na tego typu podstawie wymaga wzięcia pod uwagę dokładności ocen wartości hodowlanej, stanowiących podstawę szacowania oraz odziedziczalności każdej z cech. Warto pamiętać, że z samej natury korelacji genetycznej wynika, że zwierzęta o wysokiej wartości hodowlanej pod względem jednej cechy będą miały niskie wartości hodowlane pod względem cechy z nią genetycznie negatywnie skorelowanej. Można więc wywnioskować wielkość i kierunek korelacji, przeglądając listy zwierząt uszergowanych według wartości hodowlanych pod względem różnych cech. Przy negatywnej korelacji genetycznej między produktywnością a płodnością i po uporządkowaniu listy rankingowej, według np. produktywności, na górze listy będą zupełnie inne zwierzęta, niż gdyby uporządkowane zostały według cech płodności. Z tego względu współczynnik **korelacji genetycznej** jest też wskaźnikiem korelacji między wartościami hodowlanymi.

2.2.11. Błąd szacowania współczynnika korelacji genetycznej

Analogicznie do błędu szacowania wskaźnika odziedziczalności określa się błąd szacowania współczynnika korelacji genetycznej. Jak wynika ze wzoru na jego obliczanie, do określenia korelacji genetycznej konieczne jest oszacowanie nie tylko samej kowariancji genetycznej, lecz także wariancji genetycznej każdej z cech. Na błąd szacowania współczynnika korelacji genetycznej będą więc miały wpływ *de facto* trzy procesy szacowania, stąd wielkość błędu współczynnika korelacji będzie większa niż błędu wskaźnika odziedziczalności każdej z cech:

$$se(r_G) = (1 - r_G^2) \sqrt{\frac{se(h_x^2) se(h_y^2)}{2h_x^2 h_y^2}}$$

gdzie *se* to błąd standardowy, r_G^2 – współczynnik korelacji genetycznej, h^2 – współczynniki odziedziczalności.

Analiza wzoru pozwala się łatwo zorientować, że same błędy standardowe wskaźników odziedziczalności każdej z cech mają wpływ na wielkość błędu współczynnika korelacji genetycznej, co wynika z wykorzystywania tych samych komponentów wariancji (w różnych układach) do liczenia przedmiotowych parametrów populacji. Stąd działania umożliwiające zmniejszanie błędów wskaźnika odziedziczalności pozwalają jednocześnie uzyskać bardziej dokładne oszacowania współczynnika korelacji genetycznej.

2.2.12. Powtarzalność

Podobieństwo kolejnych pomiarów cechy u tego samego osobnika określa się mianem **powtarzalności**. Jej miarą jest **współczynnik powtarzalności**, który określa stopień siły zależności (korelacji) między powtarzаныmi wartościami fenotypowymi tej samej cechy u osobnika. Powtarzalność odnosi się do tych cech, co do których istnieje naturalna możliwość wykonania kolejnych – powtórzonych – ocen fenotypu. Nie chodzi