đđđObrazec za Načrt raziskave



Predmet: **METODOLOGIJA RAZISKOVANJA V SOCIALNEM DELU I:**

**Načrtovanje raziskave z osnovami informatike**

**NAČRT RAZISKAVE**

**(navedite naslov)**

Avtor/ica: \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Letnik: \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Skupina: \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Učna baza (na praksi): \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Elektronski naslov: \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Datum oddaje načrta: \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Genetski napredek narašča z večanjem intenzivnost in točnosti selekcije ter z zmanjšanjem generacijskega intervala. V predhodnem delu smo pokazali, da genomska selekcija navkljub nižji točnosti podvoji genetski napredek klasične selekcije zaradi krajšega generacijskega inetrvala, večje točnosti za mlade živali brez lastnih meritev in večje intenzivnosti selekcije (Schaeffer, 2006). Navkljub hitrejšemu genetskemu napredku genomske selekcije, majehn populacije še niso popolnoma prešle nanjo, predvsem zaradi pomanjkanja sredstev in skepticizma populacije. V dosedanjem delu smo pokazali, kakšen način uvedbe genomske selekcije prinaša največji napredek, ohrani največ genetske variabilnosti in je najbolj učinkovit (Obšteter in sod., 2019). S temi razultati smo pokazali, kateri je najboljši način uporabe genomske selekcije, še vedno pa ostaja vprašanje, kako financirati vzpostavitev in ohranjanje genomske selekcije. Da zagotovimo aktualnost in uporabnost trening populacije za napoved genetskih vrednosti, moramo slednjo redno obnavljati z novimi tako genomskimi kot fenotipskimi podatki, ki pa v osbtoječih shemah predstavljajo dodatni stroškov. Zaradi konvencionalnosti panoge je težko pričakovati, da bodo rejski programi prejeli dodaten denar za izvajanje genomske selekcije. Edina možna rešitev je tako notranja prerazporeditev finančnih sredstev. Rejski program sestoji iz velikega števila aktivnosti, z večino katerih ne moremo manipulirati ali pa jih opustiti. Po drugi strani pa teoretični izračuni pokažejo, da večanje števila meritev po živali na povečuje točnosti napovedi genetskih vrednosti in genetskega napredka linearno, ampak upadajoče. Ker trenutna selekcijska shema aplicira ponovljene meritve po živali, je zmanjšanje števila meritev in prerazporeditev privarčevanega denarja v genotipizacijo živali dobefr kandidat za optimizacijo, izboljšanje obstoječih rejskih programov in povečanje genetskega napredka.

V naši raziskavi nas zanima, kakšen genetski napredek lahko dosežemo z omenjeno prerazporeditvijo sredstev iz fenotipizacije v genotipizacijio. Pri tem na podrobneje zanima, kako se spremeni genetski napredek, če odvzamemo določeno število fenotipskih podatkov in genotipiziramo odgovarjajoče število živali. Zanima nas tudi, kako se spreminja točnosti napovedi genetskih vrednosti pri različnem številu fenotipskih podatkov.

Za raziskavo problema bomo uporabili komparativno kvantitativno raziskavo, vpliv spremenljivk pa bomo testirali s predhodno razvitim stohastičnim simulatorjem rejske sheme pri govedu. Vsi testirani scenariji bodo imeli enako količino finančnih sredstev. Naš osnovni scenarij bo scenarij s klasično selekcijo in 11 meritvami fenotipa na žival na laktacijo. Za primerjavo bomo ustvarili scenarije, ki bojo zmanjšali število meritev, prihranjeni denar pa bodo vložili v genotipizacijo. Genomski scenariji se bodo med seboj razlikovali v i) ali obstoja trening populacija za navpoed genetskih vrednosti ali jo moramo ustvariti; ii) število meritev fenotipa (od 1 do 10); iii) razmerje med ceno fenotipizacije in genotipizacije (2:1, 1:1, 1:2). Toćnost selekcije je funkcija metode ocenjenvanja genetskih vrednosti in števila meritev.

Kot vir podatkov bomo uporabili simulirane populacije, ki jih bomo simulirali po parametrih slovenske populacije govedi. Genomske podatke bomo simulirali na podlagi demografske zgodovine vrste s programom AlphaSim (Faux in sod., 2014). Genetske vrednosti bomo napovedali z uporabo lineranih mešanih modelov v programu blupf90 (Misztal in sod., 2002).

Za analizo podatkov bomo uporabili metode univariatne in inferenčne statistike. Simulacijo bomo izvedli v 10 ponovitvah in rezultate primerjali na podlagi povprečne vrednosti za izbrano lastnost. Scenarije bomo primerjali na podlagi genetskega napredka v zadnjem letu simulacije. Genetski napredek bomo merili v enotah standardnega odklona, za namen primerjave standardizirali, da bo imel v prvem letu primerjave povprečje 0 in standardni odklon 1. Naslednja preučevana lastnost bo točnost napovedi genetskih vrednosti, ki bo izračunana kot korelacija med pravimi in ocenjenimi genetskimi vrednostmi.

Rezultate raziskave bomo objavili v znanstveni reviji Genetics Selection Evolution ali Journal of Animal Breeding and Genetics. Poleg tega bomo rezultate raziskave predstavili tudi slovenskim ter zainteresiranim tujim rejskim organizacijam. Rezultate raziskave bom predstavila tudi na konferenci EAAP 2020 v Portu na Portugalskem.

**IZJAVA O AVTORSTVU NALOGE – Načrt raziskave pri predmetu METODOLOGIJA RAZISKOVANJA V SOCIALNEM DELU I: Načrtovanje raziskave z osnovami informatike**

Podpisani/-a: \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_z vpisno številko: \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

i z j a v l j a m ,

da sem avtor/-ica seminarske naloge oz. načrta z naslovom:

\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

S svojim podpisom zagotavljam da:

* je predložena naloga izključno rezultat mojega lastnega dela;
* sem poskrbela, da so dela in mnenja drugih avtorjev oz. avtoric, ki jih uporabljam v predloženem delu, navedena oz. citirana v skladu s fakultetnimi navodili (http://www.fsd.uni-lj.si/sd/pisanje\_za\_sd);
* sem poskrbel/-a, da so dela in mnenja drugih avtorjev oz. avtoric navedena v seznamu virov, ki je sestavni element predloženega dela in je zapisan v skladu s fakultetnimi navodili (http://www.fsd.uni-lj.si/sd/pisanje\_za\_sd);
* sem pridobil/-a vsa dovoljenja za uporabo avtorskih del, ki so v celoti prenesena v predloženo delo in sem to tudi jasno zapisal v predloženem delu;
* se zavedam, da je plagiatorstvo oblika akademske nepoštenosti in intelektualne kraje, kjer posameznik tuje ideje, argumente in raziskovalne rezultate predstavi kot svoje (to vključuje tako uporabo besed ali idej drugega avtorja brez ustreznega citiranja, oddaja iste seminarske naloge pri več predmetih ali oddaja tuje seminarske naloge kot svoje), ki je kaznivo po *Zakonu o avtorski in sorodnih pravicah* (ZASP – UPB3, Uradni list RS 16/2007);
* se zavedam, da je plagiatorstvo po *Pravilniku o disciplinski odgovornosti študentov Univerze v Ljubljani* opredeljeno kot hujša kršitev disciplinske odgovornosti, ki se kaznuje z opominom, ukorom ali začasno izključitvijo iz Univerze v Ljubljani;
* se zavedam posledic, ki jih dokazano plagiatorstvo lahko predstavlja za predloženo delo in za moj status na Fakulteti za socialno delo.

V \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_, dne \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Podpis avtorja/avtorice:

Opomba: Študentje/študentke so z izjavo o avtorstvu naloge in pravili za pisanje nalog seznanjeni na vajah.