

ČESKÁ ZEMĚDĚLSKÁ UNIVERZITA V PRAZE

FAKULTA LESNICKÁ A DŘEVAŘSKÁ

Katedra genetiky a fyziologie lesních dřevin



**Management produkčních populací lesních dřevin s využitím
metod matematického programování**

Diplomová práce

2014

Autor práce: Matouš Hořejší

Vedoucí práce: doc. Ing. Milan Lstibůrek, MSc. Ph.D.

Prohlášení

Prohlašuji, že jsem diplomovou práci na téma „Management produkčních populací lesních dřevin s využitím metod matematického programování“ vypracoval samostatně, pod vedením doc. Ing. Milan Lstibůrek, MSc. Ph.D. a že jsem uvedl všechny literární prameny a publikace, ze kterých jsem čerpal.

V Praze dne 30. 4. 2014

Matouš Hořejší

Poděkování

Na tomto místě bych chtěl poděkovat zejména. Ing. Milan Lstibůrek, MSc. Ph.D.za ochotu, odborné rady a za odborné vedení při psaní diplomové práce. Dále bych chtěl poděkovat své rodině za trpělivost a podporu během mého studia a psaní této práce.

Abstrakt

Šlechtění lesních dřevin představuje obrovskou příležitost pro lesní hospodářství, jak uspět v současném moderním světě. Vyšlechtěné lesní dřeviny mají lepší růstové vlastnosti a projevuje se u nich vyšší odolnost vůči stresu a nepříznivým podmínkám, které budou pravděpodobně v budoucnu narůstat.

Pro zakládání semenných sadů je nezbytné vytvořit kvalitní a spolehlivý algoritmus, podle kterého bude probíhat selekce klonů. Model vytvořený v této práci na bázi matematického programování optimalizuje směs klonů s nejvyšší možnou šlechtitelskou hodnotou a zároveň zabraňuje nárůstu příbuznosti, která by vedla k nežádoucímu poklesu biodiverzity.

Klíčová slova: šlechtění lesních dřevin, celočíselné programování, semenné sady, genetický zisk

Abstract

Breeding of forest tree species is a great opportunity for the entire forestry sector to succeed in the present modern World. Genetically improved forest trees have much better growing quality and they can sustain higher stress and unfavorable climatic conditions.

Efficient algorithms are necessary for optimizing and establishing seed orchards. These should optimally select clones as parents in future seed orchards. In the present thesis, we developed model, based on mathematical programming methods, which creates mix of clones with the maximum breeding value and constraints on genetic diversity.

Key words: breeding of forest trees, integer programming, seed orchards, genetic gain,

1. Úvod	7
2. Literární rešerše	9
3. Šlechtění lesních dřevin	11
3.1. Úvod do lesnické genetiky a šlechtění	11
3.1.1. Mendlovy zákony	11
3.1.2. První genetici.....	11
3.1.3. Objevení DNA.....	12
3.2. Lesní šlechtitelství	13
3.2.1. Šlechtitelský zisk.....	14
3.2.2. Příbuznost	15
3.2.3. Biodiverzita	15
3.2.4. Druhy šlechtění	17
3.2.5. Proces šlechtění	Chyba! Záložka není definována.
3.2.6. Semenné sady	17
3.2.7. Semenné sady 1. generace	19
3.2.8. Semenné sady 1,5. generace	20
3.2.9. Semenné sady 2. generace	21
4. Matematické programování	22
4.1. Historický kontext	22
4.1.1. 40.léta	22
4.1.2. 50.léta	23
5. Teoretická část	24
5.1. Optimalizační metody.....	24
5.1.1. Simplexová metoda.....	25
5.2. Základní rozdělení matematické programování	26
5.2.1. Lineární programování.....	26
5.2.2. Nelineární programování	28
5.2.3. Celočíselné programování.....	29
5.3. AMPL.....	29
5.3.1. Popis platformy	29
5.3.2. AMPL IDE.....	30

5.4.	Gurobi	30
6.	Materiál a metodika.....	32
6.1.	Popis modelu	32
6.1.1.	Základní model:.....	32
6.1.2.	Druhá verze:.....	32
6.1.3.	Třetí verze modelu	34
6.1.4.	Finální model:.....	34
6.1.5.	Datový soubor	35
6.1.6.	Iniciace souboru	37
7.	Výsledky	39
7.1.	Scénář č. 1	40
7.2.	Scénář č. 2	46
7.3.	Scénář č. 3	52
7.4.	Porovnání scénářů	58
8.	Diskuze	60
9.	Závěr.....	62
10.	Použitá literatura	63

1. Úvod

Svět genetiky, který lidstvu zůstal zatajen až do počátku dvacátého století, utíká od svého objevení mílovými kroky. V šedesátých letech 19. století Gregor Mendel objevil první známky dědičnosti, jen o 50 let později první genetici lokalizují genetickou informaci do konkrétních buněčných struktur (chromozomů) a v padesátých letech J. D. Watson a F. H. C. Crick popsali poprvé základní strukturu DNA.

Ještě mladším vědeckým sourozencem jsou metody matematického programování obecněji označované jako „optimalizační úlohy“, které většího rozšíření zažily až s rozvojem dostupné a levné výpočetní techniky.

Využitím znalostí obou vědních oborů můžeme získat značnou konkurenční výhodu, která nám přispěje ke kvalitnějším rozhodnutím založených na racionálních výsledcích a úspoře finančních a časových zdrojů při jejich aplikaci v moderním lesnictví.

V zadání této práce stál záměr vytvořit originální model pro optimalizaci produkčních populací lesních dřevin, tedy především semenných sadů. Na základě vstupních dat je hledáno optimální složení semenného sadu formou individuálních gametických příspěvků rodičovských stromů formou jejich zastoupení v semenném sadu (tj. ve fázi zakládání sadu). Cílem je maximalizovat odezvu na selekci při zachování požadované úrovně genové diverzity.

Tato diplomová práce je členěna do devíti kapitol. První kapitola tvoří úvod a druhá se věnuje literární rešerši.

Třetí kapitola je rozdělena na dvě hlavní části. První část třetí kapitoly poskytuje pohled do vývoje a historie genetiky. Začíná se zde prvními pokusy s hrachem Gregora Mendela a kapitola končí rozluštěním genetického kódu s využitím moderních molekulárně-genetických metod. Druhá část této kapitoly se věnuje současným trendům ve šlechtění lesních dřevin. Rovněž je v této kapitole věnována pozornost problematice semenných sadů na území České republiky.

Čtvrtá kapitola je zaměřená na vývoj matematického programování. Zde sledujeme, za jakých okolností vzniklo matematické programování.

Pátá kapitola je opět rozdělená na více částí. V první části jsou popsány optimalizační metody a jejich teoretický základ. V druhé části byla věnována pozornost matematickému programování. Třetí a čtvrtá část popisují počítačové programy, které byly použity v rámci této diplomové práce. Třetí část je zaměřena na řešitel GUROBI a čtvrtá na matematický programovací jazyk AMPL.

V šesté kapitole je uveden podrobný popis vytváření modelu v prostředí AMPL. V neposlední řadě se v šesté kapitole uvádí manipulace s datovými soubory a práce s konzolemi v rámci programu.

Sedmá kapitola přináší představení tří různých scénářů, které v narůstající složitosti představují optimalizační model.

Osmá kapitola je zaměřena na diskuzi výsledků. V této kapitole jsou komentovány a analyzovány výsledky.

Devátou kapitolu tvoří závěr.

Osobním cílem, který jsem si kladl od samého začátku práce, bylo seznámit čtenáře s výhodami racionalizace a optimalizace při využívání nových technologií v lesnictví, které se sice v počátku zdají nesrozumitelné a náročné, ale i přes počáteční zvýšení ekonomických nákladů a časovou náročnost tak poskytují uživateli značné a nezpochybnitelné benefity.

2. Literární rešerše

Literární rešerši této diplomové práce lze rozdělit do dvou základních informačních okruhů. První části byly do rozboru zařazeny živé vědy, především biologie a genetika. Druhá část rozboru vychází z teoretických podkladů matematického programování.

Stěžejní dílo pro první část diplomové práce - tzv. biologická část, věnovaná především šlechtění, zakládání semenných sadů a genetice, je kniha „Forest Genetics“ od autorů amerických profesorů Timothy Whita, Thomase Adamse a Davida Neala z roku 2007. Tato kniha poskytuje nejucelenější současný přehled o lesnické genetice a šlechtění lesních dřevin.

Informace z knihy „An Introduction to Forest Genetics“ od švédských autorů Gösta Erikssona, Inger Ekberga a Davida Claphama tvoří základní osu části diplomové práce zaměřené na šlechtění lesních dřevin. Eriksson a kolektiv popisují ve své knize z roku 2007 šlechtitelský proces a zakládání semenných sadů. I přesto, že publikace je zaměřená především na severské lesnictví, tak je její aplikovatelnost v našem prostředí nezpochybnitelná.

Při výčtu publikací, o které se opírá tato práce, nesmí být opomenuta již legendární kniha „Genetika a šľachtenie lesných drevín“ od profesora Ladislava Pauleho.

Dále jsem při práci na této diplomové práci využil informací, které jsem čerpal z publikací pracovníků Fakulty lesnické a dřevařské v Praze – profesora Jaroslava Koblihy a docenta Milana Lstibůrka.

V matematicko-programátorské části diplomové práce jsem pro její úvodní části čerpal z anglicky psané literatury, která se především věnovala historickým souvislostem a osobnostem, které stáli za rozvojem matematického programování a otázkám lineární optimalizace.

V obecných informacích k matematické části jsem využil nejstarší publikace "Optimalizační metody" od profesora Miroslava Maňase. I přesto, že se jedná o bezmála 50 let staré dílo, tak do dnešních let nebylo překonáno.

Mezi další publikace, které vysvětlují matematické a programátorské části této práce, patří "Lineární programování" od docentů Bohdana Lindy a Josefa Volka nebo elektronická skripta docenta Milana Berky.

Poslední část matematicko-programátorské části je tvořena popisem programátorských prostředí, ve kterých jsem vytvářel model a dále popisem optimalizačního řešitele. Informace pro tuto část jsem čerpal z elektronických manuálů těchto optimalizačních nástrojů.

3. Šlechtění lesních dřevin

3.1. Úvod do lesnické genetiky a šlechtění

3.1.1. Mendelovy zákony

Šlechtitelství na nevědecké bázi lidstvo provází po dlouhá staletí a tisíciletí. První vědecké šlechtitelské pokusy pochází z klášterního prostředí historických zemí království českého, kde se na území tehdejšího Rakouska-Uherska Gregor Mendel věnoval svým prvním šlechtitelským pokusům. Při těchto pokusech objevil a popsal přenositelnost dědičných znaků (NEČÁSEK, 1993).

Gregor Mendel (1822 - 1884) byl moravský kněz a středoškolský profesor. Mimo jiné se zabýval včelařstvím, meteorologií nebo peněžnictvím. Nejslavnější však je jeho práce z roku 1865 (publikována v r. 1886), ve které popisuje přenositelnost dědičných znaků na hrachu. Gregor Mendel zkřížil fialokvětou odrůdu s odrůdou bělokvětou. Vlastní křížení proběhlo metodou samosprášení. První generace potomstva měla fialové květy. Druhá generace potomstva měla květy přibližně v poměru 75:25 fialové (NEČÁSEK, 1993).

Mendelův přínos nelze redukovat na prokázání dědičnosti znaků mezi rodičovskými jedinci a potomstvem, ale zároveň na kvantifikaci, tzv. štěpných poměrech. Mendel interpretoval výsledky experimentu v tři Mendelovy zákony dědičnosti (WHITE et al., 2007).

Bohužel Mendelovy zákony záhy po jejich objevení upadly do všeobecného zapomnění. Jejich znovuzobjevení proběhlo až na počátku 20. století (WHITE et al., 2007).

3.1.2. První genetici

První důkaz o tom, že chromozómy jsou nositelé genů, přinesl americký genetik Thomas Morgan se svými spolupracovníky Calvinem Bridgesem a Alfredem Sturtevantem v průběhu druhého desetiletí 20. století. K tomuto

zjištění došli při studiu dědičnosti znaků na octomilce obecné (lat. *Drosophila melanogaster*) (Eriksson et al., 2007).

Bridge se ve své studii zaměřoval na zbarvení očí u toho živočicha z řádu dvoukřídlých. V roce 1916 došel ke zjištění (Eriksson et al., 2007), že různé vnější znaky, kterými se octomilky projevovaly, tak korespondovaly s odlišným uspořádáním chromozómů. Chromozómy je možné u octomilek relativně jednoduše studovat, neboť je lze odebírat z buněk slinných žláz. Chromozómy těchto buněk jsou abnormálně veliké (NEČÁSEK, 1993).

Rovněž v rámci této studie popsal výměnu chromozómových segmentů - tento jev pak pojmenoval jako tzv. „crossing-over“. Výzkum chromozómů byl již v této době možný díky jejich velikosti, takže chromozómy byly vidět i na klasickém světelném mikroskopu. Až objevení elektronových mikroskopů v 60. letech minulého století napomohlo ke studiu struktury chromozómů (Eriksson et al., 2007). Crossing-over je mechanismus, při kterém dochází k výměně bloků nesesterských chromatid (chromatid jednoho a druhého párového chromozómu). Tímto mechanismem vzniknou pohlavní buňky s nerekombinovanými haplotypy AB a ab a s rekombinovanými haplotypy Ab a aB. Haplotypy aB a Ab vzniknou jedině za předpokladu, že v místě (lokusu), kde se nachází alelový pár A/a nebo B/b, dojde ke crossing-overu. Tento jev nastává dle určité pravděpodobnosti, která narůstá za předpokladu zvětšující se vzdálenosti mezi studovanými lokusy. (NEČÁSEK, 1993).

3.1.3. Objevení DNA

Na sklonku druhé světové války v roce 1944 byla objevena chemická látka, která je nositelkou genetické informace. Touto látkou je deoxyribonukleová kyselina (lat. *deoxyribonucleinicum*), v povědomí veřejnosti je spíše známa pod zkratkou DNA. Chemická struktura je známa od roku 1953, kdy byla rozluštěna J. D. Watsonem a F. H. C. Crickem (NEČÁSEK, 1993).

DNA se skládá z velmi dlouhého řetězce molekul, které jsou tvořeny čtyřmi nukleotidovými bázemi: A = adenin, T = thymine, G = guanin, C =

cytosin. Nukleotidové báze jsou upevněny na sacharido-fosfátové opoře a dohromady tvoří polynukleotidový řetězec (WHITE et al., 2007).

Čtyři druhy nukleotidů jsou tvořeny heterocyklickou dusíkatou bází, cukrem, deoxyribózou a fosfátovou skupinou. DNA společně s ribonukleovou kyselinou (RNA) vytváří bílkoviny (NEČÁSEK, 1993).

Například u jedinců rodu *Pinus* se genom skládá minimálně z 10 000 000 000 nukleotidových bází (WHITE et al., 2007).

3.2. Šlechtění lesních dřevin

Šlechtění lesních dřevin lze charakterizovat jako aplikovanou vědní disciplínu, nebo soubor technologií, která má za cíl zlepšení genetického základu populací lesních dřevin tak, aby se zvyšovala dlouhodobě jejich adaptabilita, a dále se též přihlíží k produkčním ukazatelům s vazbou k ekonomickým cílům lesního hospodářství. Jedná se o cílevědomou lidskou činnost, která ovlivňuje přirozený evoluční proces s cílem vytvářet takové formy dřevin a jejich populací, které odpovídají potřebám člověka a moderní společnosti. Základem této činnosti je proměnlivost lesních dřevin, kterou šlechtitel usměrňuje tak, aby získal umělou populaci daného druhu s maximalizovanou hodnotou znaků odpovídající danému hospodářskému cíli (PAULE, 1992).

Šlechtění lesních dřevin je problém, kterému se musí šlechtitel věnovat několik let, spíše desetiletí, a je v rámci tohoto procesu utraceno nemalých finančních prostředků, proto je zákonitě nezbytné si hned z počátku odpovědět na otázku: Jaký je cíl šlechtitelského programu? (ERIKSSON et al., 2007).

Nezbytné je nalezení rodičovských stromů, které mají žádoucí vlastnosti a tyto otestovat na jejich potomcích, zda se tyto vlastnosti přenesou pohlavní reprodukci. Není pravidlem, že potomstvo musí mít shodné vlastnosti jako jejich rodič. Ve skutečnosti je možné vzniku velikého množství kombinací v rámci pohlavní reprodukce (tzv. Mendelovský rozptyl) (SMITH et al., 1997).

Důležitým ukazatelem při šlechtění pro nás mohou být tzv. morfologické markery jako vnější projev genů. Bohužel u lesních dřevin vývoj neprobíhá natolik rychle jako například u již zmíněných octomilek rodu *Drosophila*. U lesních dřevin se jen obtížně setkáme s jednoduchými Mendelovskými znaky a většina znaků vykazuje spojitě rozdělení (kvantitativní znaky) (WHITE et al., 2007). Studium těchto znaků vyžaduje odlišný přístup postavený na kombinaci genetiky a experimentální statistiky.

3.2.1. Genetický zisk

Šlechtění lesních dřevin nemusí probíhat jen za účelem získat dřevinu, která nám primárně bude přinášet větší zisk. Některé šlechtitelské pokusy jsou zaměřené na šlechtění dřevin, jejichž nové vlastnosti jim poskytnou výhodu v nepříznivém prostředí nebo získají šlechtitelským zásahem požadovaný vzhled (takové šlechtitelské programy můžeme využít například v městském lesnictví) (ERIKSSON et al., 2007).

Z výše uvedeného tedy vyplývá, že je nezbytné před začátkem šlechtění vědět jaký znak máme v úmyslu vylepšit. Čím více znaků chceme najednou vylepšit, tím se šlechtitelský program stává náročnějším a dražším (ERIKSSON et al., 2007).

Aby bylo dosaženo optimálních výsledků, je nezbytné, aby šlechtitelský program probíhal v opakujících se šlechtitelských cyklech. Efektivita šlechtitelských cyklů je úměrná počtu provedených cyklů. Již po prvním šlechtitelském cyklu je možné dosáhnout až 12% genetického zisku. Při druhém šlechtitelském cyklu byl vysledován u řady hospodářských znaků až 25% genetický zisk (KOBLIHA et al., 2011).

Lesní výzkumný ústav ve Švédsku publikuje data, která potvrzují výše napsané. Ve své zprávě z roku 2001 uvádí o 10% větší objem dřevní hmoty po prvním šlechtitelském cyklu u smrku lesního (*Picea abies*) a až 25% u druhé generace. U borovice lesní (*Pinus sylvestris*), pěstované v severním Švédsku,

byl naměřen o 19% větší objem dřevní hmoty než u kontrolního porostu (ERIKSSON et al., 2007).

3.2.2. Příbuznost

Velkou otázkou při zakládání šlechtitelských programů je příbuznost jednotlivých klonů, která je nežádoucí. Proto je v rámci šlechtitelského programu nezbytné provést testování na příbuznost jednotlivých klonů mezi sebou, případně upravit prostorové rozestavení jednotlivých klonů v rámci semenného sadu, aby se minimalizovala možnost příbuzenského křížení (KOBLIHA, 2002).

Nejdramatičtější situace v tomto ohledu může nastat, pokud dochází k samosprášení. Jako příklad zde uvedu ilustraci z publikace Forest Genetics. Předpokládejme populaci o 1000 jedincích, která má dvě alely A_1 a A_2 s četností $p=0,4$ a $q=0,6$. Dle Hardy-Weinbergova zákona vyplývá četnost genotypů: homozygoté: $p^2 = 0,16$ a $q^2 = 0,36$ a heterozygoté: $2pq = 0,48$. Po následném samosprášení vzniká generace F1, ve které budou všichni potomci homozygotů A_1A_1 a A_2A_2 opět homozygoty A_1A_1 a A_2A_2 . Přičemž generace potomků heterozygotů bude menší než předchozí, protože frekvence alel u potomků bude v poměru $1/4(A_1A_1)$, $1/2(A_1A_2)$, $1/4(A_2A_2)$. Z důvodu toho, že pouze heterozygotní rodiče produkují heterozygotní potomky, tak dochází k postupnému snižování četnosti heterozygotních jedinců v populaci, v každé generaci o jednu polovinu. V druhé generaci by zastoupení jednotlivých genotypů bylo A_1A_1 (34%), A_1A_2 (12%) a A_2A_2 54%. V případě čtvrté generace by zastoupení heterozygotů bylo již naprosto zanedbatelné (A_1A_1 38,5%, A_1A_2 3% a A_2A_2 58,5%) (WHITE et al., 2007).

3.2.3. Biodiverzita

Biodiverzita (biologická diverzita) je pojem, který označuje variabilitu mezi všemi žijícími organismy (tj. suchozemské, mořské, sladkovodní) v

ekosystémech a jejich ekologické vazby. Pojem biodiverzita bere v potaz jak diverzitu v rámci druhu, tak diverzitu mezi jednotlivými druhy a mezi druhy a samotnými ekosystémy (SILVA FOREST FOUNDATION CERTIFICATION PROGRAM, 1999).

Dr. Sean Ryan z University of Alberta hovoří o biodiverzitě takto: "Biodiverzita poukazuje na variabilitu života na Zemi". Přičemž ji sám rozděluje na tři (čtyři) úrovně:

- 1) Genetická diverzita - důležitá k udržení zdravé populace
- 2) Druhovú diverzita - důležitá k udržení zdravého ekosystému
- 3) Diverzita ekosystémů - důležitá k udržení celkové zdravé planety
- 4) Kulturní diverzita - její důležitost tkví v tom, že různé kultury se staví rozdílně k ochraně biodiverzity (RYAN, 2011).

Pro tuto diplomovou práci je jedním ze stěžejních pojmů genetická diverzita, proto je na místě uvést zde i její definici: Genetická diverzita je genová variabilita v rámci jednoho druhu. Pokud porovnáme dva jedince stejného druhu v populaci nebo mezi populacemi, tak budou rozdílní. Velikost rozdílu mezi těmito dvěma jedinci je výsledkem difference v jejich genetické výbavě (NEWMARK, 2002).

Stromy v lesích dospívají a rostou po mnohá desetiletí, proto je nezbytné, aby i v případě šlechtitelských programů nebyla omezena biodiverzita a genetická variabilita šlechtěné populace. Při poklesu genetické variability by tak šlechtěná populace byla náchylnější k poškození od různých nemocí, napadení hmyzími škůdci, klimatickými výkyvy nebo znečištěním atmosféry (SMITH et al., 1997).

Jako příklad, kdy pokles vnitrodruhovú biodiverzity způsobil dalekosáhlé problémy a značné neštěstí, lze uvést hladomor v Irsku z roku 1845 a 1852. Brambory v Irsku v tomto období byly pěstovány jen ve dvou odrůdách a na obou se objevila sněť, která zničila veškerou úrodu. V důsledku této neúrody nastal hladomor, při kterém zemřel jeden milion obyvatel. Stejnú množství

obyvatel bylo nuceno odejít do emigrace. V té době se jednalo o přibližně jednu čtvrtinu celkové populace Irska (RYAN, 2011).

3.2.4. Druhy šlechtění

Šlechtění lesních dřevin můžeme dělit mnoha způsoby, je uvedeno členění, které využívá autorský kolektiv pod vedením Gösta Erikssona v knize "An Introduction to Forest Genetics" z roku 2007:

- selekce šlechtěných jedinců
 - na úrovni druhu
 - na úrovni provenience
 - na úrovni populace
 - na úrovni jednotlivých stromů
- kombinace šlechtění zacílená na vznik žádaného kritéria
- hybridizace
- šlechtění využívající mutací, molekulárních markerů a genového inženýrství (ERIKSSON et al., 2007).

3.2.5. Semenné sady

Semenný sad, jímž je účelová výsadba selektovaných klonů nebo reprodukčního materiálu získaného z rodičovského (výběrového) stromu (tzv. rodiče rodiny), který je izolován nebo obhospodařován tak, že sprášení pylem pocházejícím z rostlin nacházejících se mimo semenný sad je vyloučeno nebo omezeno, pro generativní způsob reprodukce (ZÁKON Č. 149/2003 SB., 2003).

Semenné sady můžeme rozdělit do mnoha kategorií, nejzákladnější rozdělení je ale však na semenné sady, které jsou zaměřené na pěstování klonů, a na druhé semenáčky (tzv. klonové semenné sady a semenné sady se

semenáčky), v rámci naší práce se budeme dále zabývat jen klonovými sady vzniklých z klonů (ERIKSSON et al., 2007).

Jedním ze způsobů, který umožňuje ovlivňovat určitou populaci jedinců, je šlechtitelský proces selekce. Při tomto řízeném procesu dochází k výběru jedinců dle námi předem vytvořeného kritéria. Selekcí jedinců, kteří nejlépe vyhovují našim kritériím, se vytváří námi požadovaný genetický zisk. Bohužel zde panuje úměra, že tvorbou genetického zisku selekcí v populaci dochází ke ztrátě genetické diverzity. Podle počtu šlechtitelských cyklů na populaci určíme o kolikátou generaci se jedná. V zemích, které patří mezi světové lídry ve šlechtění lesních dřevin, se můžeme v současné době setkat i se semennými sady šesté generace (KAŇÁK et al., 2008)

S každou provedenou realizací šlechtitelského cyklu naroste i genetický zisk na šlechtěných lesních porostech. Proto nám v důsledku s každou generací narůstá i ekonomická hodnota semenného sadu a osiva z něho vzešlého (KOBLIHA et LSTIBŮREK, 2006).

K zakládání semenných sadů nás mohou motivovat především dva důvody. Prvním důvod je ekonomický přínos, který nastane založením semenného sadu. Semenné sady jsou schopné produkovat kvalitnější dřevní hmotu a zvýšit objemovou produkci. Druhým důvodem může být důvod ekologický, kdy založíme semenný sad jako zdroj reprodukčního materiálu pro záchranu ohroženého genofondu vymírající populace (KAŇÁK et al., 2008).

Dle informací z poslední dostupné Zprávy o stavu lesa a lesního hospodářství České republiky, tzv. Zelené zprávy z roku 2012, se na našem území k 15. prosinci 2012 nacházelo celkem 142 uznaných semenných sadů o celkové výměře 320,72 ha. Semenné sady jsou u nás založeny pro 13 listnatých a 9 jehličnatých druhů dřevin. Semenné sady zaměřené na šlechtění jehličnatých dřevin se vyskytují na ploše 260,14 ha, což představuje 81,11% výměry všech semenných sadů. Semenné sady zaměřené na opadavé dřeviny se rozkládají na ploše 60,58 ha. V roce 2012

proběhla registrace čtyř nových semenných sadů do Rejstříku uznaných zdrojů (ZELENÁ ZPRÁVA, 2013).

V roce 2010 byla většina semenných sadů na našem území kvalifikována jako semenné sady první generace, lze předpokládat na základě empirických znalostí, že v tomto ohledu v posledních letech nedošlo k žádné zásadnější změně (IVANEK et al., 2010).

Výhody semenných sadů jsou:

- vyšší genetická hodnota reprodukčního materiálu a sadebního materiálu ve školkách, přeneseně tedy vyšší objemová produkce, vyšší kvalita (tvar kmene), vyšší stabilita a obecně odolnost vůči abiotickým a biotickým škodlivým činitelům v porostech založených reprodukčním materiálem původem ze semenných sadů,
- nižší náklady na sběr osiva.

Nevýhody semenných sadů (nákladová složka):

- provozní fixní náklady (vyžínání trávy a buřeně, opravy, sběr semenného materiálu atd.)
- investiční náklady při zakládání semenných sadů (koupě a příprava pozemku, oplocení atd.) (KOBLIHA et al., 2011).

3.2.6. Semenné sady 1. generace

Semenné sady první generace se zakládají ze selektovaných klonů na základě fenotypových vlastností, testování genotypu v sadech první generace neprobíhá (KAŇÁK, 2011).

V prvotních fázích šlechtitelského procesu je v semenných sadech sledována řada kriterií. Především se jedná o zaznamenávání úhynu roubovanců a snahy zjistit příčiny tohoto jevu. Dále je nezbytné sledovat fenologii kvetení, fruktifikaci a vlastnosti osiva. U semenných sadů se obvykle

také provádí takzvaný genetický screening reprezentativního počtu klonů, při kterém se zjišťuje homogenita klonů resp. ramet semenného sadu. Pro zvýšení šlechtitelského efektu je nezbytné získat informace o genetické kvalitě klonů zastoupených v semenném sadu. Těch se získává při experimentálních testech potomstev. Obvyklá velikost semenných sadů první generace je 1 - 2 ha, což odpovídá přibližně 50 - 70 klonům. Zákonitě s každou generací semenného sadu se počet klonů zmenšuje. V současné době se semenné sady uznávají dle zákona č. 149/2003 Sb. a vyhlášky MZe č. 29/2008 Sb. Současná legislativa České republiky nezná pojem semenný sad vyšší generace (KAŇÁK et al., 2008).

3.2.7. Semenné sady 1,5. generace

Zvláštním případem jsou semenné sady 1,5. generace. V těchto semenných sadech se nachází klony vybrané na základě testování polosesterských potomstev klonů zastoupených v semenném sadu první generace, u nichž známe jen mateřského rodiče. Semenný sad 1,5. generace lze založit 3 způsoby: genetickou probírkou, selektivním sběrem osiva nebo založením nové výsadby (KAŇÁK et al., 2008).

Nejjednodušším způsobem, jak vytvořit semenný sad 1,5. generace je tzv. genetická probírka. Probírka spočívá v negativní probírce, při které se ze semenného sadu 1. generace odstraní klony, které nesplňují naše požadavky (KAŇÁK et al., 2008).

V rámci selektivního sběru osiva, které slouží k založení semenného sadu 1,5. generace, sběrač sbírá semeno jen ze stromů, která splňují naše kritéria. Na základě testu potomstev provedeme pozitivní selekci. Riziko tohoto postupu je kontaminace pylem z okolního porostu (KAŇÁK et al., 2008).

Zakládání úplně nového semenného sadu 1,5. generace na základě testu potomstev a jejich následné selekce je nejnákladnější a nejméně využívaný způsob. Proto je nezbytné zvážit jeho ekonomickou rentabilitu a zda není lepší přímo založit semenný sad 2. generace (KAŇÁK et al., 2008).

3.2.8. Semenné sady 2. generace

Pokud provedeme testování plnosesterských potomstev, tak je možné z pozitivně otestovaných jedinců založit semenný sad vyšší generace (KAŇÁK et al, 2008).

4. Matematické programování

"Úlohy vedoucí k výpočtu extrému funkcí více proměnných se často získávají jako matematické formalizace technických nebo ekonomických problémů, v nichž jde o výběr nejlepší varianty z dané množiny variant" (MAŇAS, 1979 str. 7).

Obecně lze předpokládat množinu hodnot pro $x_t = (x_1, x_2, \dots, x_n)$, která bude výslednou hodnotou vstupů. Úkol řešitele je nalezení optimálního řešení maximalizací nebo minimalizací hodnoty funkce(x). V rámci optimalizační úlohy funkce(x) nazýváme funkcí účelovou (kriteriální) (MAŇAS, 1979).

4.1. Historický kontext

4.1.1. 40.léta

Poprvé se setkáváme s pojmem programování na počátku druhé světové války, konkrétně v roce 1939, kdy sovětský vědec L. V. Kantorovič formuloval některé optimalizační problémy řízení výroby ve formě úlohy lineárního programování v článku "Matematické metody v organizaci a plánování výroby". O dva roky později se anglický vědec F. L. Hirschcock zabýval optimalizací problému v rámci dopravní úlohy (LINDA a BOHDAN, 2009). Pojem programování popisoval činnost plánování a organizování aktivit v rámci velkých společností (FOURER et al., 2003). V praxi ho bylo využito při řešení složitých logistických problémů, které nastaly v průběhu celosvětového válečného konfliktu (BIXBY, 2012). Dalším impulzem pro rozvoj extremalizačních metod nastal s poválečným rozvojem ekonomik, tento jev bychom mohli označit za problémy optimalizace výrobních programů (MAŇAS, 1979).

Z toho prostředí se etabloval jeden ze zakladatelů moderního lineárního programování George Danzig (1914 - 2005) (COTTLE et al., 2005).

Danzigův přínos pro moderní lineární programování ční v objevení metody, jak provádět tyto složité výpočty (BIXBY, 2012). Simplexový

algoritmus, nebo rovněž simplexová metoda, je algoritmus pro nalezení optimálního řešení úlohy lineárního programování, který neprozkoumává všechna bazická řešení, přesto je tak možné nalézt optimální řešení (LINDA a BOHDAN, 2009). Poprvé bylo simplexového algoritmu využito při řešení netriviální úlohy lineárního programování na tak zvaném "Stigler Diet" problému, který obsahoval 21 podmínek a 77 proměnných. Celkově bylo potřeba k provedení všech výpočtů 120 normo dní (BIXBY, 2012).

4.1.2. 50.léta

V roce 1953 je k výpočtu poprvé využito "počítače". Danzig přechází v roce 1952 k RAND Corporation, kde společně s Orchard-Hayesem pracují na implementaci kódu do zařízení, které známe pod označením CPC (Card Programmable Calculator). Zmíněný přístroj vyřešil Stiglerův problém za 8 hodin (BIXBY, 2012).

První reálná aplikace simplexové metody na počítači, který snese označení vědecký, proběhla na přelomu let 1954 - 1955, kdy algoritmus byl využit ekonomem Alanem Mannem na počítači IBM 701 (BIXBY, 2012).

V následujících letech dochází k překotnému vývoji na poli matematického programování a v rámci hardwaru. V současné době nachází matematické programování uplatnění v nepřeberném množství vědních oborů (BIXBY, 2012).

5. Teoretická část

5.1. Optimalizační metody

"Úlohy vedoucí k výpočtu extrému funkcí více proměnných se často získávají jako matematické formalizace technických nebo ekonomických problémů, v nichž jde o výběr nejlepší varianty z dané množiny variant. Jednotlivé varianty jsou v této formalizaci charakterizovány n -ticí čísel (bodem $x_t = (x_1, x_2, \dots, x_n)$), a hodnocení varianty je dáno hodnotou funkce f v tomto bodě x . Bod, ve kterém funkce nabývá maxima nebo minima, reprezentuje potom hledanou nejlepší variantu" (MAŇAS, 1979).

Rozhodovací situace můžeme, nejenom v ekonomii, obecně řešit dvěma způsoby. První způsob, intuitivní, je obvykle prováděn na základě empirických znalostí. Intuitivní způsob může být mnohdy založen na základě emocí nebo nedostatečných znalostí. Proto mohou být intuitivní rozhodnutí špatná. Druhý způsob rozhodování na základě vyhodnocení dostupných dat je založen na metodě operačního výzkumu. Vytvořením kvalitního matematického modelu lze získat silný nástroj, který poskytne pomoc při hledání optimálního řešení (LINDA a BOHDAN, 2009).

Pokud jsou v zadání extremalizační úlohy veškeré funkce lineární, tak lze hovořit o lineárně extremalizační úloze. Obecný tvar lineární úlohy je uvedený v kapitole 5.2.1 o lineárním programování. Lineární úlohy získaly svoji velikou oblíbenost díky této základní interpretaci: je definováno n výrobních procesů, přičemž u každého potřebujeme k jeho realizaci m zdrojů. Z toho vyplývá, že u každého j -tého výrobního procesu je výše spotřebovaných zdrojů definována vektorem

$$a_j = (a_1, a_2, \dots, a_{m_j}) \quad (1)$$

Z takového vektoru pak můžeme sestavit matici

$$A = [a^{(1)} I a^{(2)} I \dots I a^{(m)}] \quad (2)$$

Celkové dostupné množství zdrojů je dáno m -složkovým vektorem b . Jehož i -tá složka indikuje disponibilní množství materiálu i (MAŇAS,1979).

5.1.1. Simplexová metoda

Ani současná vyspělá technika nedosahuje takových výkonů, aby bylo možné při procházení optimalizačních funkcí nalézt všechna základní řešení soustavy. Například soustava, kde by bylo dáno, že $n = 50$ neznámých a $m = 25$ podmínek, za předpokladu že by počítač prozkoumal 1 000 000 řešení za sekundu, by celkový výpočet dokončila až za 4 roky (LINDA a BOHDAN, 2009).

Z tohoto důvodu bylo nezbytné nalézt vhodnou metodu, která by vedla ke zjednodušení optimalizačního procesu. Až do současnosti byla navržena řada metod a postupů, z nichž si svůj význam uchovaly jen některé, které byly odvozeny od tzv. simplexové metody, kterou v roce 1947 vyvinul G. B. Danzig (MAŇAS,1979).

Základní kroky lze charakterizovat v těchto čtyřech bodech:

- 1) "V soustavě se definuje libovolná výchozí jednotková báze, tj. báze složená výhradně z jednotkových vektorů.
- 2) Postupně se prochází sousední báze tak, aby se hodnota proměnné $z = c^T x$ postupně zvyšovala. Dvě báze se označí za sousední, jestliže se liší pouze v jediném bazickém vektoru (bez ohledu na pořadí těchto vektorů).
- 3) Jestliže všechny sousední báze mají nižší (nebo stejnou) hodnotu z , než je hodnota z v základním řešení které odpovídá právě dosažené bázi, určuje dosažená báze optimální základní řešení.

Třetí bod neplatí v případě tzv. degenerace." (MAŇAS,1979).

Simplexová metoda je postup pro hledání optima v rámci úlohy lineárního programování. Hlavní výhoda simplexové metody tkví v procházení jen části všech teoreticky možných bazických řešení a zároveň nalezení optimálního řešení. Simplexová metoda k nalezení využívá následující postup. Metoda začne zkoumat náhodné bazické řešení, zda-li je optimální. Pakliže ano, tak skončí. Za předpokladu, že tomu tak není, nalezne nové bazické

řešení, kterému odpovídá menší, nebo v krajním případě shodná hodnota účelové funkce, než v předchozím postupu, a postup se zopakuje. Díky tomu, že se simplexová metoda nikdy nevrací k horšímu řešení, než které je právě zkoumáno, tak se počet zkoumaných řešení výrazně zmenší. Přejechod mezi starým a novým zkoumaným řešením probíhá pomocí výměny jednoho z bazických vektorů (LINDA a BOHDAN, 2009).

5.2. Základní rozdělení matematické programování

5.2.1. Lineární programování

Při rozvoji a aplikaci matematického programování vznikl jeden speciální případ, kdy veškeré náklady, požadavky a další hodnoty jsou striktně na proporciální úrovni nebo jejich sumou (FOURER et al., 2003).

V rámci lineárního programování se řeší optimalizace určitého problému, v rámci kterého se hledá minimální nebo maximální hodnota lineární funkce při n proměnných na množině popsané soustavou lineárních nerovností (PLESNÍK et al., 1990).

Předmětem je lineární funkce, pokud použijeme matematickou terminologii, omezující podmínky jsou vyjádřené pomocí lineárních rovnic a nerovnic. Proces, při kterém dochází k řešení takového problému, pojmenováváme lineární programování a řešení probíhá v lineárním programu. Lineární programování je důležitý nástroj při řešení mnoha problémů současnosti a je u něj oceňována jeho rychlost a spolehlivost i přes přítomnost tisíců proměnných a omezujících podmínek. Za určitých okolností může lineární programování pomoci i při řešení nelineárních problémů (FOURER et al., 2003).

Obecná úloha lineárního programování se může vyjádřit kanonickým tvarem (KTÚLP):

Maximalizujte:

$$c_1x_1 + c_2x_2 + \dots + c_nx_n \quad (3)$$

za podmínek:

$$a_{11}x_1 + a_{12}x_2 + \dots + a_{1n}x_n = b_1$$

$$a_{21}x_1 + a_{22}x_2 + \dots + a_{2n}x_n = b_2$$

$$\vdots \quad \vdots \quad \vdots \quad \vdots \quad \vdots$$

$$a_{m1}x_1 + a_{m2}x_2 + \dots + a_{mn}x_n = b_m$$

$$x_j \geq 0 \quad j = 1, 2, \dots, n$$

Kde: $c_j; j = 1, 2, \dots, n$ jsou libovolná reálná čísla

$a_{ij}; i = 1, 2, \dots, m; j = 1, 2, \dots, n$ jsou libovolná reálná čísla

$b_i; i = 1, 2, \dots, m$ jsou libovolná nezáporná reálná čísla

m, n jsou přirozená čísla taková, že $m < n$.

Jestliže zavedeme vektory $c^t = (c_1, c_2, \dots, c_n)$; $x_t = (x_1, x_2, \dots, x_n)$

$b^T = (b_1, b_2, \dots, b_m)$; $0^T = (0, 0, \dots, 0)$ a matici soustavy $A = a_{(ij)_m^n}$, můžeme KTÚLP zapsat v maticovém tvaru (LINDA a BOHDAN, 2009):

Je snaha o maximalizaci:

$$C^T X \tag{4}$$

při omezení:

$$Ax = B \tag{5}$$

kde A je daná matice a $p^T j = a_{1j}, a_{2j}, \dots, a_{mj}$ daný vektor. V případě jediného řešení je maximum rovno $Ax = B$. Pokud má soustava $Ax = B$ více řešení, pak je výsledná hodnota $C^T X$ na množině všech teoreticky dosažitelných výsledků omezena nebo je vyjádřena konstantní funkcí (MAŇAS, 1979).

Praktické využití lineární funkce nastává, pokud omezující podmínky jsou tvořeny soustavou nerovnosti.

$$Ax = b, x \geq 0 \tag{6}$$

$$Ax \leq b, x \geq 0;$$

$$Ax \geq b$$

Maximalizujte $C^T X$

za podmínek $p_1 x_1 + p_2 x_2 + \dots + p_n x_n = b$

$$x \geq 0$$

BERKA (2008) ve svých elektronických skriptech píše: "Cílem operace v tomto modelu je najít takovou strategii x (budeme jí v tomto případě říkat plán), aby při zadaných podmínkách byla hodnota cílové funkce maximální (minimální)".

5.2.2. Nelineární programování

V některých případech není možno využít lineárního programování. Například pokud omezující podmínky nebo řešení není tvořeno lineární funkcí. V těchto případech se jedná o nelineární programování. Optimalizací nelineárních problémů se lidstvo zabývá více než dvě století, ale až v

posledních dekáдах dochází k průlomů a k rozvoji složitějších algoritů (FOURER et al., 2003).

5.2.3. Celočíselné programování

Celočíselné programování je standardní úloha lineárního programování, která je doplněna o podmínku celočíselnosti. Tento doplněk zaručuje, aby část nebo všechny proměnné nabývaly celočíselných hodnot (BERKA, 2008).

Speciálním případem celočíselných úloh jsou úlohy, ve kterých se využívá bivalentních proměnných. Bivalentní proměnné nabývají pouze hodnot 0 a 1. Uvedené hodnoty proměnných jsou využívány při formulaci přiřazovacích a okružních dopravních systémů (BERKA, 2008).

5.3. AMPL

5.3.1. Popis platformy

AMPL je algebraická platforma pro modelování optimalizačních úloh. Název AMPL je akronym pro "A Mathematical Programming Language" - matematický programovací jazyk. Vznik a úspěšná implementace AMPL jako modelovacího jazyku pro matematické programování proběhla v roce 1985 (FOURER et al., 2003).

AMPL nabízí interaktivní pracovní prostředí pro řešení rozsáhlých a značně komplexních problémů matematického programování. Pracovní prostředí nabízí zjednodušený matematický zápis oproštěný od klasického programátorského jazyka, podobný s klasickým matematickým syntaxem (FOURER et al., 2003).

AMPL spolupracuje s desítkami optimalizačních řešitelů a to jak se specializací na lineární programování, tak i na řešení nelineárních problémů, celočíselných úloh nebo kvadratických problémů. Pro přehled je uvedeno několik řešitelů: CBC, CPLEX, FortMP, Gurobi, MOSEK, MINOS, SNOPT a mnoho dalších, se kterými AMPL spolupracuje (AMPL, 2013). Software AMPL

pracuje na operačních systémech Windows (32-bit/64-bit), Unix/Linux a Mac OS X (FOURER et al., 2003).

5.3.2. AMPL IDE

AMPL v loňském roce představila nové uživatelské prostředí. Uživatelské prostředí nabízí jednoduchou obsluhu všech částí programu. Hlavní předností je rozdělení procesu modelování na tři oddělené uživatelské části. Jedna část je tvořená klasickým datovým rozhraním s deklarováním pracovním formulářem pro konkrétní úlohu. Druhá část slouží k programování vlastního matematického modelu. Poslední část slouží k obsluze úlohy, resp. k odeslání úlohy do řešitele a k následnému načtení výsledků. Mezi další výhody uživatelského prostředí AMPL IDE patří zvýrazňování syntaktického kódu, rychlé vyhledávání chyb a přehledný zápis. Uživatelské prostředí opět běží na obvyklých operačních systémech - Windows (32-bit/64-bit), Unix/Linux a Mac OS X (AMPL.com, 2013) (AMPL, 2014).

5.4. Gurobi

Gurobi je vyspělý řešitel úloh matematického programování, který je schopný řešit úlohy lineárního (LP), kvadratického programování (QP), rovněž obsahuje řešitele pro úlohy s podmínkami tvořenými kvadratickou nerovnicí (QCP), dále obsahuje řešitele pro celočíselné úlohy lineárního (MILP) a kvadratického programování (MIQP). Závěrem je nezbytné zmínit možnost řešit úlohy s celočíselnými podmínkami v rámci kvadratické nerovnosti (MIQCP). Gurobi Optimization nabízí svým uživatelům několik rozdílných typů licencí. Hlavním produktem pro společnost je klasická komerční licence, mezi další licence patří akademická licence a tzv. trial licence, která slouží uživatelům k otestování a seznámení se se softwarem. V našem případě jsme k vyřešení optimalizační úlohy použili akademickou licenci. Akademické licence jsou volně přístupné všem akademickým zaměstnancům a studentům vysokých škol. Akademická licence je společností Gurobi Optimization poskytována s

jednoletou platností. Po uplynutí tohoto období je nutné žádat o novou licenci.

Lineární řešitel nabízí možnost pracovat s primárním i sekundárním simplexovým algoritmem. Řešitel současně umí řešit optimalizaci a provádět prosévání algoritmu. Lineární řešitel umí pracovat s paralelním bariérovým algoritmem (GUROBI, 2014).

V nezávislém testu Arizonské státní univerzity byl Gurobi solver vyhodnocen jako nejrychlejší a nejúčinnější řešitel. Shodná úloha byla řešena v 9 rozdílných řešitelích na počítačích Intel Xeon X5680 (32 GB, Linux, 64 bitová technologie, 2x6 jader). V testu byly zastoupeny tyto řešitelé: CBC-2.8.7, CPLEX, GLPK-4.52, GUROBI-5.6.0, LP_SOLVE-5.5.2, SCIP, SCIP, SCIP, XPRESS-7.6.0. Gurobi z uvedených řešitelů bylo nejrychlejší ve 2 ze 3 úloh a pokaždé dokázalo vyřešit všechny problémy. Ve třetí úloze bylo Gurobi jen o 4% pomalejší (MITTELMANN, 2014).

6. Materiál a metodika

6.1. Popis modelu

Model, který byl vytvářen v rámci diplomové práce prošel řadou změn a úprav. Z počátku se jednalo o velmi jednoduchý model, který neobsahoval žádné omezující podmínky pro zastoupení jednotlivých klonů. Řešení vede pochopitelně k nerealistickému výstupu, neboť součet jednotlivých příspěvků dílčích klonů není roven 100%.

6.1.1. Základní model:

```
# set of clones;
set CLONES;

# parameters:
param BV {CLONES}                # value of clone
param UPPER {CLONES} >= 0;      # upper limit on clonal contributions
param LOWER {CLONES} >= 0;     # lower limit on clonal contributions

# variables: clonal contributions:
var x {p in CLONES} >= LOWER[p], <= UPPER[p]

# objective: maximize genetic response (BV times contributions):
maximize Total_Profit: sum {p in CLONES} BV[p] * x[p];
```

6.1.2. Druhá verze:

Upravená verze modelu obsahovala již omezení v celkovém zastoupení klonů, a to bylo vyjádřeno funkcí

$$x_1 + x_2 + \dots + x_n = 1.$$

(1)

```
# constraint: sum of contributions equal to unity:
subject to Sum: sum {p in CLONES} x[p] = 1;
```

Tento model vykazoval výsledky, že 100% zastoupení připadá na klon, který nám přináší největší šlechtitelský zisk.


```

# set of clones;
set CLONES;

# parameters:
param BV {CLONES};           # value of clone
param UPPER {CLONES} >= 0;   # upper limit on clonal contributions
param LOWER {CLONES} >= 0;   # lower limit on clonal contributions
param COAN {CLONES} >= 0, <= 0.5;

# variables: clonal contributions:
var x {p in CLONES} >= LOWER[p], <= UPPER[p];

# objective: maximize genetic response (BV times contributions):
maximize Total_Profit: sum {p in CLONES} BV[p] * x[p];

# constraint: sum of contributions equal to unity:
subject to Sum: sum {p in CLONES} x[p] = 1;

```

V praxi ovšem nelze obhájit semenný sad čítající pouze jeden klon. Proto bylo potřebné model doplnit o další omezující podmínku.

6.1.3. Třetí verze modelu

V rámci třetí verze modelu jsme úlohu doplnili o limitní podmínku, v rámci které jsme definovali minimální a maximální hodnotu zastoupení (příspěvku) pro všechny klony.

```
# set of clones;
set CLONES;

# parameters:                                     # value of clone
param BV {CLONES};                               # upper limit on clonal contributions
param UPPER {CLONES} >= 0;                       # lower limit on clonal contributions
param LOWER {CLONES} >= 0;
param COAN {CLONES} >= 0, <= 0.5;

# variables: clonal contributions:
var x {p in CLONES} >= LOWER[p], <= UPPER[p];

# objective: maximize genetic response (BV times contributions):
maximize Total_Profit: sum {p in CLONES} BV[p] * x[p];

# constraint: sum of contributions equal to unity:
subject to Sum: sum {p in CLONES} x[p] = 1;
```

6.1.4. Finální model:

Finální model obsahuje, na rozdíl od předchozích verzí, i podmínku genetické příbuznosti. Genetická příbuznost je v našem modelu řešena maticí genetické příbuznosti, jejíž strany jsou definovány počtem klonů a celkový počet buněk tabulky je součinem klonů.

```
# constraint 2: coancestry:
subject to Coancestry: sum {i in CLONES, j in CLONES} COAN[i,j] * x[i] * x[j] <= GC;
```

Tato podmínka nás chrání před snížením biodiversity ve snaze o získání co nejvyššího genetického zisku.

```

# set of clones;
set CLONES;

# parameters:
param BV {CLONES}; # value of clone
param UPPER {CLONES} >= 0; # upper limit on clonal contributions
param LOWER {CLONES} >= 0; # lower limit on clonal contributions
param COAN {CLONES,CLONES} >= 0, <= 1; # coancestry matrix
param GC >= 0; # limit on group coancestry

# variables: clone either present or absent
#var y {p in CLONES} binary;
# variables: clonal contributions:
var x {p in CLONES} >= LOWER[p], <= UPPER[p];

# objective: maximize genetic response (BV times contributions):
maximize Gain: sum {p in CLONES} BV[p] * x[p];

# constraint 1: sum of contributions equal to unity:
subject to Sum: sum {p in CLONES} x[p] = 1;

# constraint 2: coancestry:
subject to Coancestry: sum {i in CLONES, j in CLONES} COAN[i,j] * x[i] * x[j] <= GC;

```

6.1.5. Datový soubor

Model načítá data z datového souboru. Bohužel v rámci tištěné práce není prakticky možné ukázat celý datový soubor, protože jen vytištění všech dat z něho by zabralo přibližně 48 stránek, proto zde uvedu jen ukázkou, která čtenáři poskytne dostatečnou představu o jeho struktuře. Datový soubor je ale obsažen v elektronické verzi diplomové práce (datový nosič).

set					
CLONES:	41	42	43	...	80
param	NE :=	1.0;			
param	CMAX:=	0.2;			
param:	BV	UPPER	LOWER	:=	
41	98.68926352	0.2	0.05		
42	99.57385626	0.2	0.05		
43	99.31618959	0.2	0.05		
⋮	⋮	⋮	⋮		
80	100.3190917	0.2	0.05;		
param:	COAN	:=			
41	41	1			
41	42	0.25			
41	43	0			
41	44	0			
⋮	⋮	⋮			
41	79	0			
41	80	0			
42	41	1			
42	42	0.25			
⋮	⋮	⋮			
80	79	0.25			
80	80	1;			

Datový soubor se dá rozdělit na čtyři deklarační části. V první části (set CLONES) se deklarují klony, pro které se bude provádět optimalizace.

Druhá část datového souboru (začínající param NE) slouží k deklaraci hodnoty efektivní velikosti populace a maximální hodnoty příbuznosti mezi jednotlivými klony ve výsledné směsi (v prvních dvou modelech hodnoty maximální příbuznosti nebyly brány v potaz).

Třetí část datového souboru (začíná param: BV) deklaruje „breeding value“, tj. šlechtitelskou hodnotu jednotlivých klonů. V dalším sloupci je uveden maximální přípustný podíl zastoupení jednotlivého klonu ve výsledné směsi a poslední sloupec přináší hodnotu, která naopak určuje minimální podíl stejného klonu ve výsledném souboru (semenném sadu).

Čtvrtá část datového souboru je tvořena maticí příbuznosti všech klonů, které se objevují v datovém souboru. Hodnoty na diagonále jsou zde rovny jedné. Pro ilustraci optimalizačního modelu byl vytvořen datový soubor, předpokládaly se normálně rozdělené šlechtitelské hodnoty (byl použit generátor pseudonáhodných čísel v MS Excel) a dále byla vytvořena matice příbuznosti, kdy za příbuzné jedince byly zvažovány vždy dvojice klonů (41 a 42, 43 a 44 a tak dále). Příbuzenský vztah měl hodnotu příbuzenského koeficientu = 0,25. Čtvrtá část datového souboru je využívána jen ve třetím modelu.

6.1.6. Iniciace souboru

Optimalizace se spouští pomocí iniciační konzole v AMPL IDE. Další možnosti, které konzole nabízí, je výpis hodnot jednotlivých proměnných. Základní zápis k průběhu optimalizace v konzole vypadá následovně:

```
AMPL:      model pine.mod;
AMPL:      data pine.dat;
AMPL:      option solver gurobi_ampl;
AMPL:      solve;
```

V průběhu práce na modelu byl pro usnadnění vytvořen „run“ soubor, který funguje na principu dávkového souboru. Tento je spustitelný jen jedním příkazem a všechny výše uvedené procesy se spouští automaticky. Run soubor měl níže uvedený zápis:

```
model      pine.mod;
data       pine.dat;
option     solver gurobi_ampl;
solve      ;
display    x;
```

Jak je vidět v run souboru, tak první je iniciován soubor pine.mod, který je nositelem informací s kódem samotného modelu. Druhý soubor, který je spuštěn, je datový soubor pine.dat. Příkaz option již vybírá samotný řešitel

GUROBI a spouští se příkazem „solve“. Poslední příkaz display slouží k zobrazení hodnot x_i (výsledné optimální příspěvky).

Run soubor se spouští příkazem:

```
ampl: include pine.run;
```

Při vytváření datového souboru bylo potřebné z časových důvodů vytvořit pomocný program. Tento program jsem vytvořil v programovacím jazyku Python. Program postupně prochází maticí příbuznosti a načítá data z jednotlivých buněk matice. Dále dodá k těmto datům informace o umístění buňky v rámci matice a exportuje je do nového Excelovského souboru. Do toho souboru se též ukládá seznam informací o příbuzenském vztahu jednotlivých klonů a jejich souřadnice. Program funguje na principu vnořených cyklů.

7. Výsledky

V rámci výzkumu, na kterém jsme ověřovali vlastnosti námi vytvořeného modelu, byly testovány tři různé scénáře, které se zjednodušeně řečeno liší schopností reagovat na příbuznost jedinců.

Hledání optimálního řešení bylo zaměřeno na maximalizaci hodnoty BV - breeding value (šlechtitelská hodnota). V rámci naší šlechtitelské populace jsme pracovali se 40 klony. V rámci populace se vždy nacházeli dva jedinci, kteří měli vzájemný příbuzenský vztah. Tento příbuzenský vztah jsme vyjádřili hodnotou COAN = 0,25. K jiným klonům tento jedinec měl hodnotu na úrovni COAN = 0,0.

U každého z proběhnuvších scénářů jsme prováděli testování při různých hodnotách N_E (efektivní velikost populace).

Vzorec pro výpočet efektivní velikosti populace:

$$N_E = \frac{1}{2\Theta} \quad (7)$$

Θ = group coancestry (koeficient skupinové příbuznosti)

Hodnota efektivní populace byla u všech scénářů zvyšována od hodnoty rovné 1 až do situace, kdy řešení lineární funkce mělo časovou náročnost větší než 120 vteřin. Hodnota efektivní populace se vždy navyšovala o 0,5.

7.1. Scénář č. 1

První scénář má nejmenší počet omezujících podmínek. V rámci tohoto scénáře jsme nebrali v potaz příbuznost mezi jednotlivými klony a ani jsme si nestanovili minimální a maximální podíl jednotlivých klonů ve výsledné optimalizaci.

V rámci prvního scénáře jsme maximalizovali kritériální funkci:

$$\max(f) BV_1 * p_1 + BV_2 * p_2 + \dots BV_n * p_n \quad (8)$$

BV = breeding value (šlechtitelská hodnota)

p = proportion (podíl klonu ve výsledném mixu)

Hlavní podmínka, že příspěvek všech klonů se musí rovnat 1:

$$p_1 + p_2 + \dots p_n = 1 \quad (9)$$

Druhá podmínka v tomto scénáři omezovala skupinovou příbuznost. Koeficient skupinové příbuznosti jsme v průběhu zmenšovali prostřednictvím navyšování efektivní velikosti populace (N_E).


```

# set of clones;
set CLONES;

# parameters:
param BV {CLONES}; # genetic response to selection
param UPPER {CLONES} >= 0; # upper limit on clonal contributions
param LOWER {CLONES} >= 0; # lower limit on clonal contributions
param COAN {CLONES,CLONES} >= 0, <= 1; # coancestry matrix
param NE >= 0; # limit on group coancestry
param GC = 1/(2*NE); # maximum accepted pairwise coancestry

param CMAX >= 0, <= 1;

var b {p in CLONES} binary;
var x {p in CLONES} >= 0, <= 1;

# objective: maximize genetic response:
maximize Gain:
sum {p in CLONES} BV[p] * x[p];

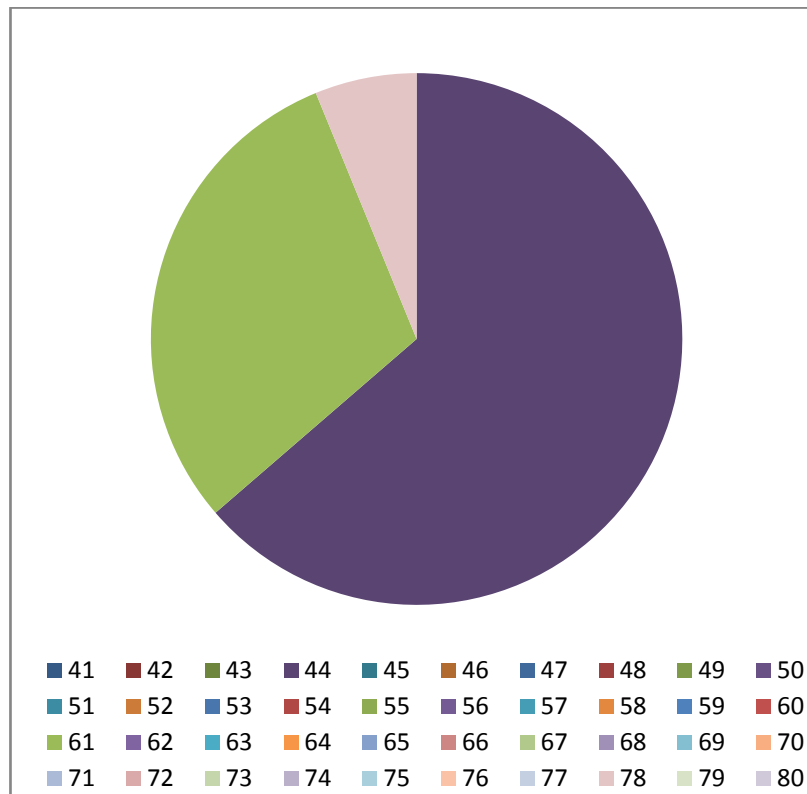
# constraint 1: sum of contributions equal to unity:
subject to Sum: sum {p in CLONES} x[p] = 1;

# constraint 2: average coancestry lower equal declared GC_max
subject to Coancestry:
    sum {i in CLONES, j in CLONES} #: i < j}
    COAN[i,j] * x[i] * x[j] <= GC;

# constraint 3: limit on min and/or max pair-wise coancestry:
subject to pairwise {i in CLONES, j in CLONES: i <> j}:
    COAN[i,j] * b[i] * b[j] <= CMAX;

```

Počáteční hodnota N_E byla stanovena na hodnotu 1. Při hodnotě jedna je vliv koeficientu skupinové příbuznosti velmi malý, proto ve výsledcích je převážně zahrnut (63%) jen jeden klon. 99,99% celkové směsi bylo tvořeno jen třemi klony (viz. graf č.1). Zbylé klony se na celkové směsi jednotlivě podíleli 1×10^{-6} až 1×10^{-10} . Z důvodu jejich zanedbatelného podílu na výsledné směsi, nejsou uvedeny v přehledové tabulce a ani graficky znázorněny.

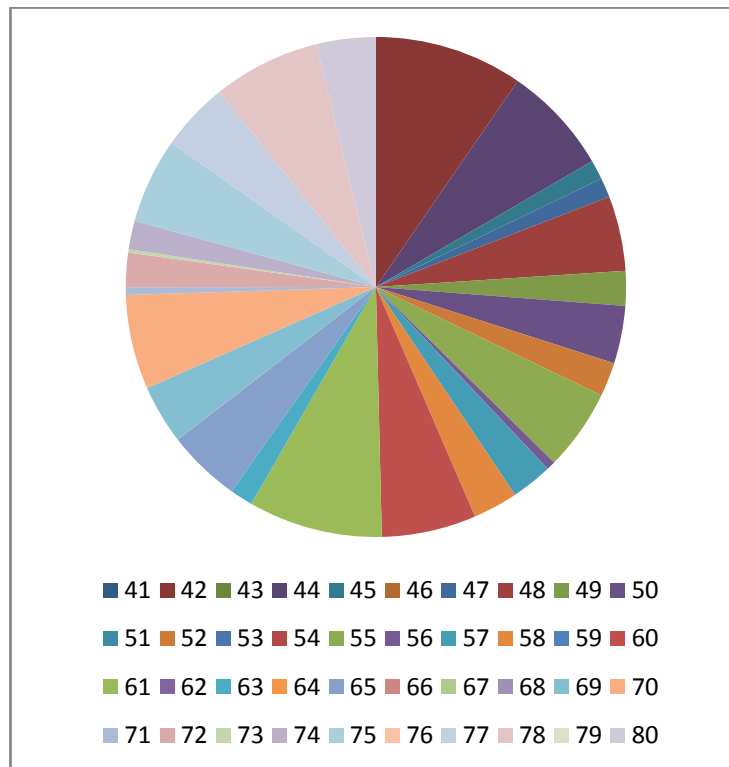


Graf č.1 - zastoupení klonů

Tato situace jasně poukazuje na nezbytnost stanovení spodní hranice pro podíl jednotlivého klonu na celkové směsi, protože, jak je zde patrné, v reálné situaci není možné vytvořit směs, kde by podíl klonů byl takto malý.

Postupným navyšováním hodnoty efektivní velikosti populace o 0,5 se zmenšovala hodnota kritériální funkce a zvyšoval se počet zastoupených klonů. Tím dochází k snižování šlechtitelské hodnoty semenného sadu při růstu biodiverzity a počtu zastoupených klonů.

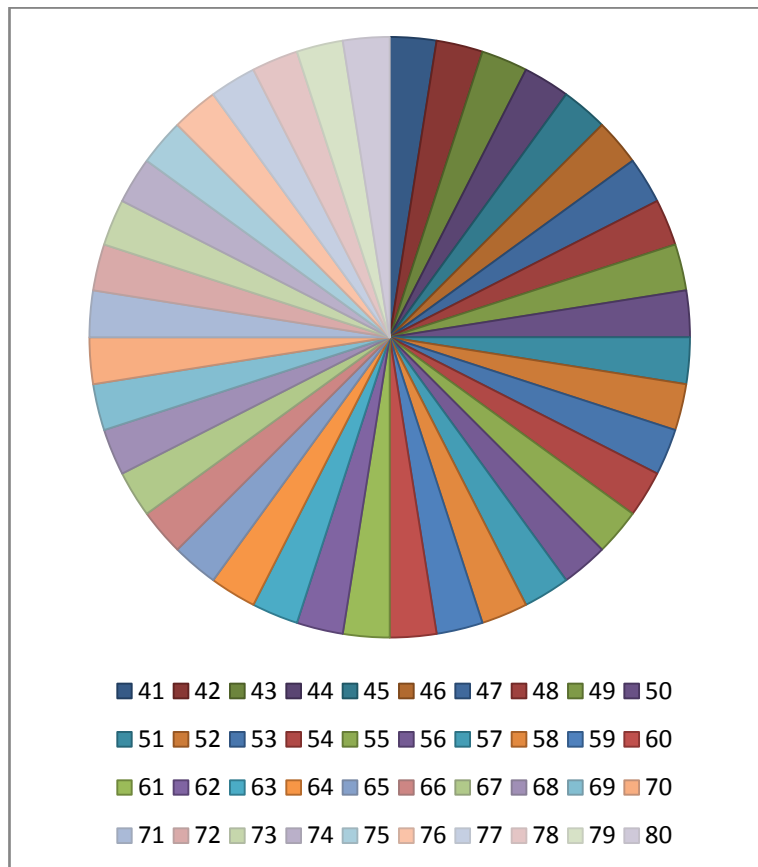
Druhý graf zobrazuje podíl zastoupených klonů při hodnotě NE 8,5 (viz graf č. 2). Tato hodnota je střední hodnotou u prvního scénáře. Do výsledku se větším než 1% zastoupením promítlo 25 klonů. Ostatních 15 klonů mělo procentní zastoupení v rozmezí hodnot od 1×10^{-2} po 1×10^{-6} .



Graf č. 2 - zastoupení klonů

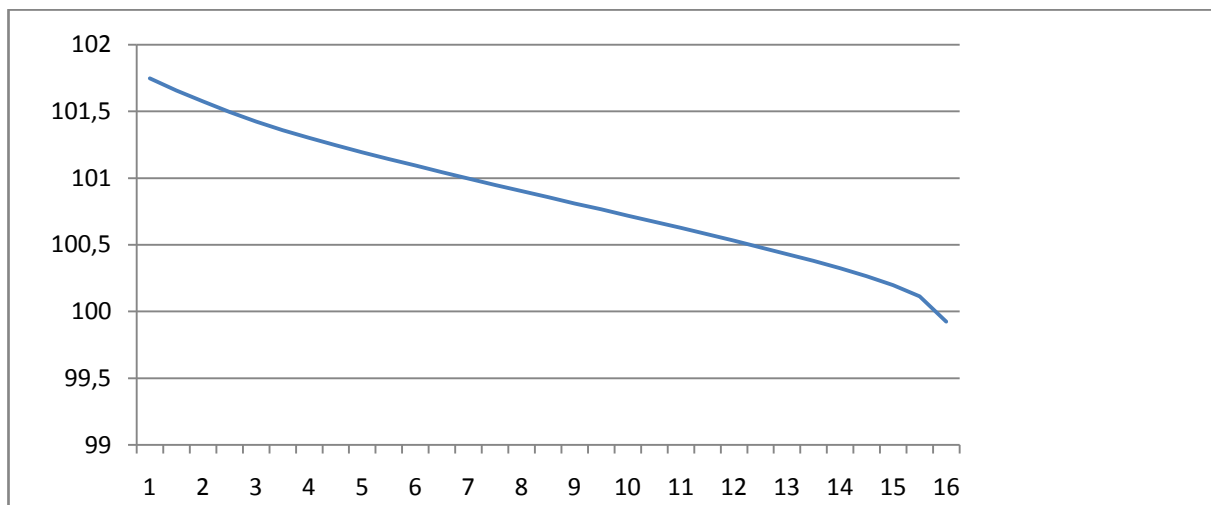
Nejvyšší hodnotu N_E , kterou jsme mohli v rámci prvního scénáře zadat, byla hodnota 16. Vyšší hodnotu už nelze zadat, protože lineární funkce by neměla při zadaných podmínkách řešení. V situaci, kdy jsme dosadili za koeficient efektivní velikosti populace hodnotu 16, tak zastoupení všech klonů, se kterými jsme pracovali, bylo blízko $2,5 \% \pm 1 \times 10^{-3}$. V této situaci se podruhé ukazuje, co by nastalo, pokud není ve scénáři podmínka, která omezuje spodní hranici zastoupení jednotlivých klonů (viz graf č.3).

Rovněž při postupu, kdy zastoupení všech klonů ze semenného sadu je rovnoměrné, bychom dosáhli nulového šlechtitelského zisku.



Graf č. 3 - zastoupení klonů

Pokud zvyšujeme koeficient efektivní velikosti populace, tak snižujeme šlechtitelský zisk semenného sadu. Toto lze interpretovat rovněž tak, že pokud budeme snižovat biodiverzitu v rámci populace šlechtitelského sadu, tak budeme naopak zvyšovat šlechtitelský zisk. Níže uvedený graf necht' je tomu dobrou ukázkou (viz graf č. 4).



Graf č. 4 - Vlevo na ose Y můžeme vidět šlechtitelskou hodnotu šlechtěných klonů a na ose X vidíme hodnotu efektivní velikosti populace.

7.2. Scénář č. 2

Ve druhém scénáři jsme opět použili shodných 40 klonů, se kterými jsme již prováděli optimalizaci v rámci prvního scénáře. Scénář druhý se na rozdíl od prvního lišil v přítomnosti omezujících podmínek na podíl jednotlivých klonů. Toto jsme vyřešili podmínkou, která na své spodní hranici byla nastavena na 5% a maximální možná přítomnost jednoho klonu byla definována na 20%. Pokud nějaký klon by měl příspěvek mimo toto rozdělení, tak by měl automaticky přidělený nulový podíl na výsledné směsi.

```
# constraint 2: average coancestry lower equal declared
GC_max
subject to Coancestry:
    sum {i in CLONES, j in CLONES} #: i < j}
    COAN[i,j] * x[i] * x[j] <= GC;

# constraint 3: lower bound:
subject to semicontLB {p in CLONES}:
    LOWER[p] * b[p] <= x[p];

subject to semicontUB {p in CLONES}:
    x[p] <= UPPER[p] * b[p];
```

Přidáním výše uvedených podmínek jsme docílili toho, aby zastoupení jednotlivých jedinců bylo v rámci intervalu, který zaručuje, že podíl zastoupeného klonu neklesne pod hodnotu, která je hraniční pro aplikovatelnost klonu v rámci zakládání semenného sadu. Horní hranice zaručuje, že směs nebude složena jen z jednoho klonu nebo z několika málo jedinců, přičemž by došlo k zákonitému poklesu biologické diverzity a genetické erozi.

V rámci provádění optimalizací jsme museli přistoupit k časovému limitu pro výpočet kritériální funkce. V rámci této diplomové práce jsme si stanovili časový limit pro výpočet 120 sekund.

```

# set of clones;
set CLONES;

# parameters:
param BV {CLONES}; # genetic response to selection
param UPPER {CLONES} >= 0; # upper limit on clonal contributions
param LOWER {CLONES} >= 0; # lower limit on clonal contributions
param COAN {CLONES,CLONES} >= 0, <= 1; # coancestry matrix
# limit on group
# coancestry
param NE >= 0;
param GC = 1/(2*NE);
param CMAX >= 0, <= 1; # maximum accepted pairwise coancestry

# alternative (constraints 3, 4 is active)
var b {p in CLONES} binary;
var x {p in CLONES} >= 0, <= 1;

# objective: maximize genetic response:
maximize Gain:
sum {p in CLONES} BV[p] * x[p];

# constraint 1: sum of contributions equal to unity:
subject to Sum: sum {p in CLONES} x[p] = 1;

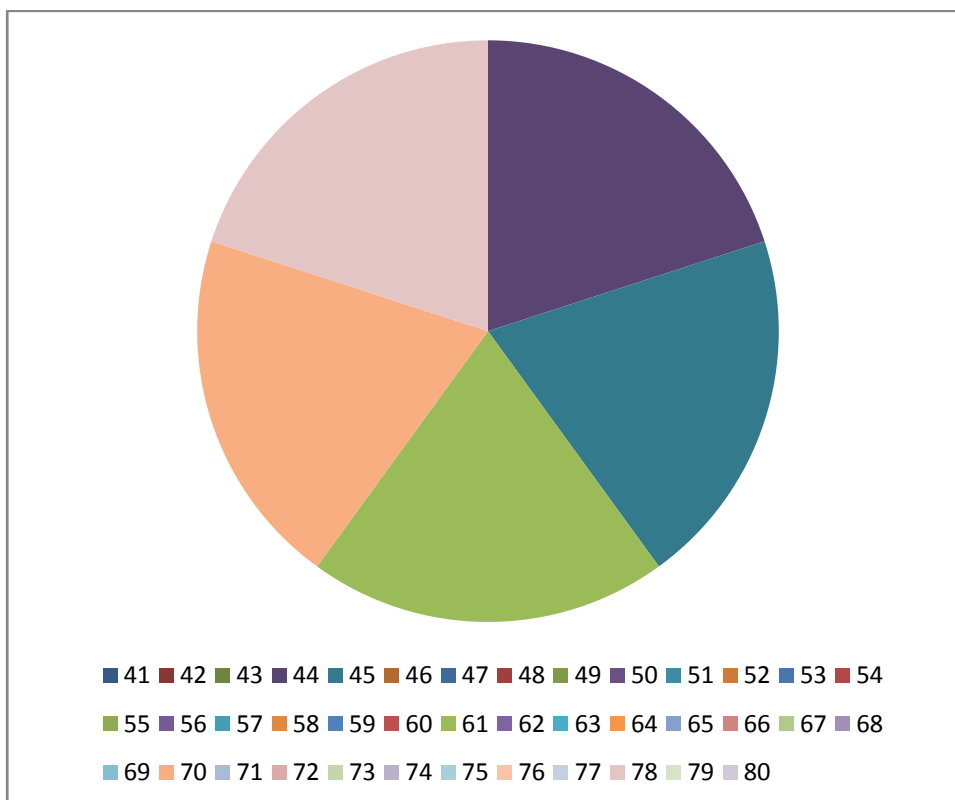
# constraint 2: average coancestry lower equal declared
GC_max
subject to Coancestry:
    sum {i in CLONES, j in CLONES} #: i < j}
    COAN[i,j] * x[i] * x[j] <= GC;

# constraint 3: lower bound:
subject to semicontLB {p in CLONES}:
LOWER[p] * b[p] <= x[p];

subject to semicontUB {p in CLONES}:
x[p] <= UPPER[p] * b[p];

```

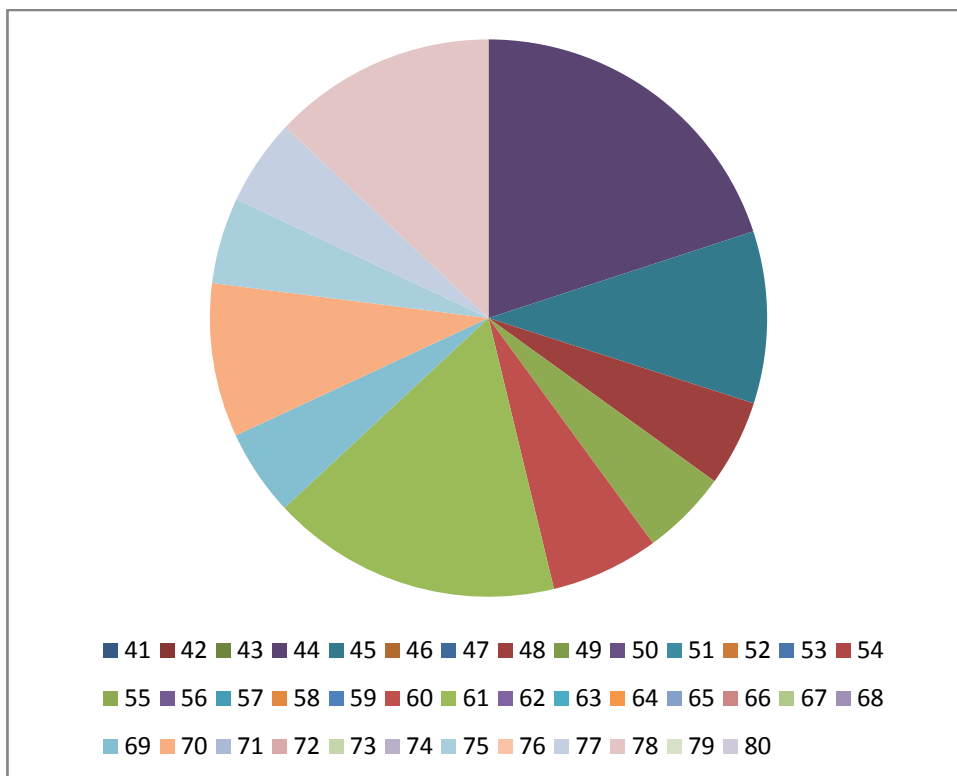
Opět jsme začali efektivní velikostí populace na hodnotě 1. Tentokrát ale nedošlo k výraznému zastoupení jen jednoho klonu. Při hodnotě $N_E = 1$ jsme měli rovnoměrné zastoupení pěti klonů, tedy maximální možný podíl klonu na celkovém složení, který jsme si určili v rámci podmínek. Zastoupení ostatních klonů v tomto případě se rovnalo nule (viz graf č. 5).



Graf č. 5 - zastoupení klonů

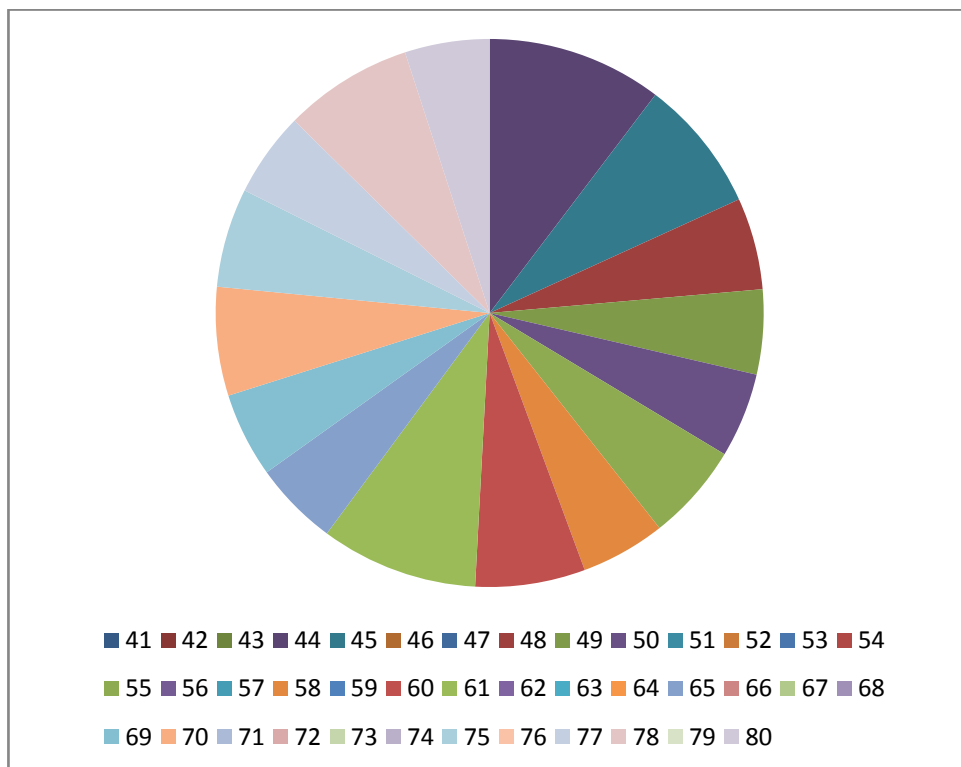
Shodně jako u předchozího scénáře jsme postupně zvyšovali hodnotu efektivní populace o 0,5 v každém cyklu. Zvyšováním této hodnoty se rovněž zvyšoval počet simplexových iterací. Při hodnotě $N_E = 1$ bylo těchto simplexových iterací jenom 6, u hodnoty $N_E = 4$ byl počet iterací již 3075. Poslední hodnota, u které proběhl výpočet optimalizace, byla hodnota $N_E = 7$, při takto zadaných podmínkách, bylo v rámci optimalizační úlohy nutné provést 186 681 simplexových iterací. Pro větší hodnotu než $N_E = 7$ jsme optimalizaci nedokončili, protože výpočet optimalizace byl delší než v podmínkách zadaných

120 sekund. Již při hodnotě $N_E = 6,5$ tak výpočet optimalizace trval 40 sekund a při $N_E = 7$ byl celkový čas optimalizace jen těsně pod hranicí dvou minut.



Graf č. 6 - zastoupení klonů

Pokud navýšíme hodnotu N_E na úroveň 4, v tu chvíli se hodnota skupinové příbuznosti rovná $\Theta = 0,125$, tak se v nám v celkové směsi projeví zastoupení 11 klonů. Z těchto jedenácti klonů jen jeden klon dosahuje zastoupení 20% (přesně 19,9627%) a jen tři klony mají vyšší podíl ve výsledné směsi než 10%. Pět klonů je zastoupeno přesně na dolní hranici přípustného zastoupení (5,0001 %, 5,0003 %, 5,0006 % 5,0013 % a 5,0051 %) (viz graf č. 6).



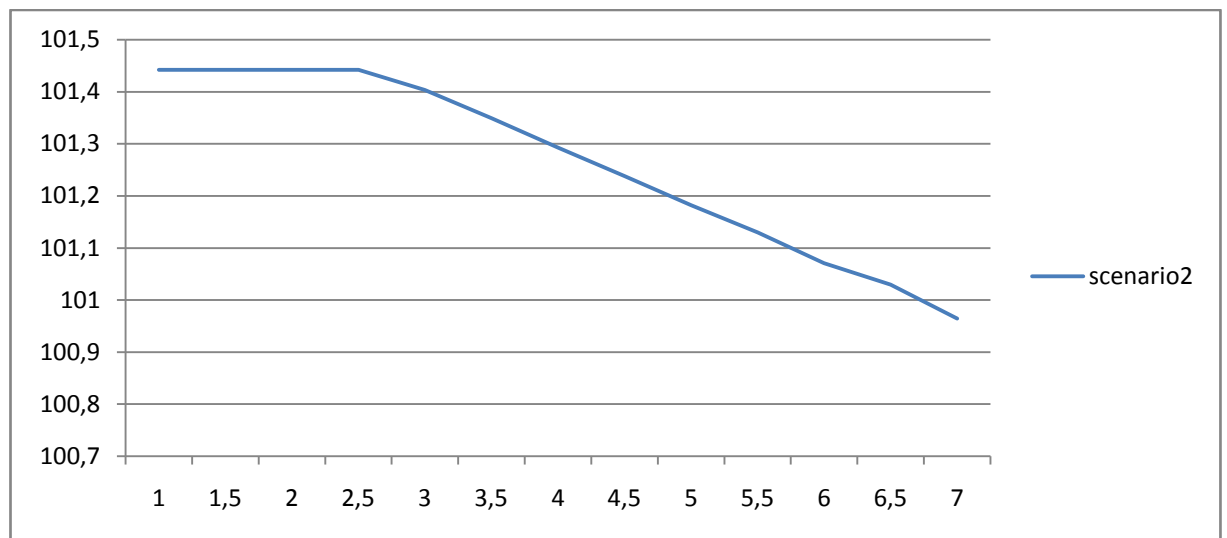
Graf č. 7 - zastoupení klonů

Jak již bylo výše uvedeno, největší hodnota efektivní velikosti populace se rovnala $N_E = 7$, která splňovala i časovou podmínku. V daný moment bylo součástí optimalizace 16 klonů (teoretické maximální množství klonů je 20, protože minimální zastoupení jednoho klonu musí být minimálně 5 % (tj. 5 % x 20 = 100)). Nejvíce zastoupený klon ve směsi měl podíl mírně přes 10% (10,3388%), první tři klony měly zastoupení vyšší než 7%. 7 klonů v této směsi mělo zastoupení přesně 5% a další 3 klony měly zastoupení velmi blízko spodní hranice (5,4193%, 5,7456% a 5,8484%) (viz graf č. 7).

Následující graf uvádí průběh křivky, která zobrazuje šlechtitelskou hodnotu (breeding value), pokud měníme velikost N_E . Za povšimnutí stojí, že ze začátku má křivka konstantní tvar. Konstantní tvar křivky je zdůvodnitelný omezující podmínkou, která omezuje maximální možné zastoupení klonů ve výsledné směsi.

Až ve chvíli, kdy zvýšíme velikosti hodnoty N_E nad 2,5, tak už se tlak na biodiverzitu směsi zvýší natolik, že křivka přejde do "lineárního tvaru". Kdy se

zvyšující hodnotou N_E nám klesá šlechtitelská hodnota celé směsi (viz graf č. 8).



Graf č. 8 - Vlevo na ose Y můžeme vidět šlechtitelskou hodnotu šlechtěných klonů a na ose X vidíme hodnotu efektivní velikosti populace.

7.3. Scénář č. 3

Třetí scénář je ze všech scénářů v této diplomové práci nejkomplikovanější a má i největší množství pozitivních podmínek. V rámci tohoto scénáře jsme využili matici příbuznosti. Náš model jsme pro tento případ opatřili podmínkou, která zabraňuje využití dvou příbuzných klonů v rámci tohoto scénáře. Do podmínky jsme vložili, že maximální hodnota příbuznosti se bude rovnat $C_{MAX} = 0.2$. Zároveň jsme do datového souboru vložili matici, ve které byly vždy dva po sobě jdoucí klony příbuzní a to s hodnotou $C_{MAX} = 0,25$. Celkově je v našem modelu 40 klonů, tzn. že celkově se v datovém souboru nacházelo 20 příbuzenských párů. Výsledkem by mělo být, že se nám na výsledné směsi nesmí podílet současně oba klony z jedné sourozenecké dvojice. Ostatní podmínky jsou v tomto scénáři shodné. Minimální zastoupení klonu je rovno 5% a maximální podíl jednoho klonu na celkové směsi je roven 20%. Přičemž platí, že součet podílů všech klonů ve směsi se musí rovnat 100%. Shodně, jako u druhého scénáře, bylo dosaženo nejvyšší možné hodnoty efektivní velikosti populace $N_E = 7$, u vyšších hodnot jsme již nebyli schopni splnit časový limit 120 sekund.

```

# set of clones;
set CLONES;

# parameters:
param BV {CLONES}; # genetic response to selection
param UPPER {CLONES} >= 0; # upper limit on clonal contributions
param LOWER {CLONES} >= 0; # lower limit on clonal contributions
param COAN {CLONES,CLONES} >= 0, <= 1; # coancestry matrix
param NE >= 0; # limit on group coancestry
param GC = 1/(2*NE);
param CMAX >= 0, <= 1; # maximum accepted pairwise coancestry

# alternative (constraints 3, 4 is active)
var b {p in CLONES} binary;
var x {p in CLONES} >= 0, <= 1;

# objective: maximize genetic response:
maximize Gain:
sum {p in CLONES} BV[p] * x[p];

# constraint 1: sum of contributions equal to unity:
subject to Sum: sum {p in CLONES} x[p] = 1;

# constraint 2: average coancestry lower equal declared
GC_max
subject to Coancestry:
    sum {i in CLONES, j in CLONES} #: i < j}
    COAN[i,j] * x[i] * x[j] <= GC;

# constraint 3: lower bound:
subject to semicontLB {p in CLONES}:
LOWER[p] * b[p] <= x[p];

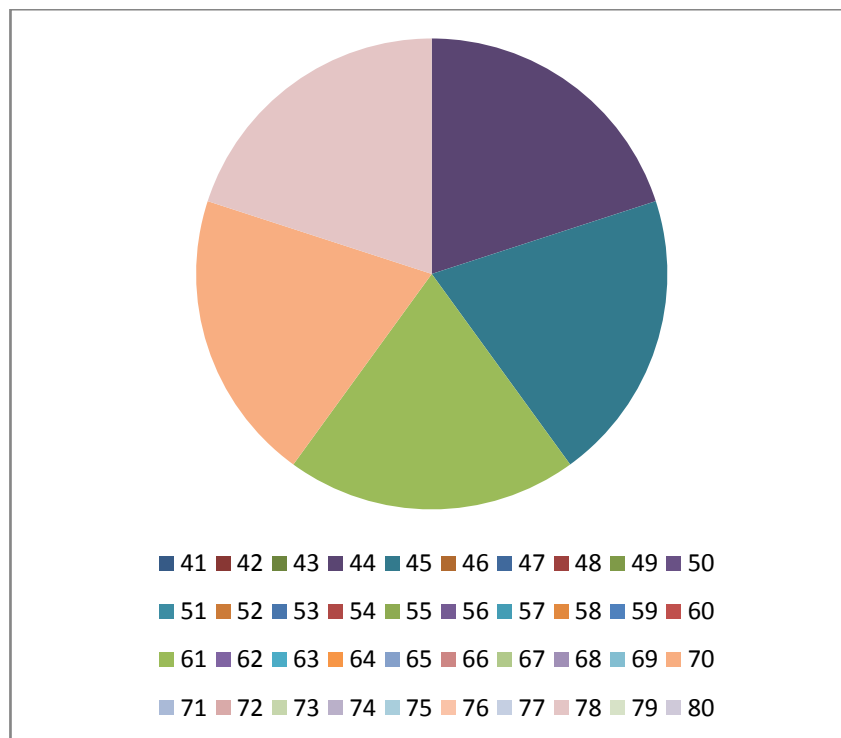
subject to semicontUB {p in CLONES}:
x[p] <= UPPER[p] * b[p];

# constraint 4: limit on min and/or max pair-wise coancestry:
subject to pairwise {i in CLONES, j in CLONES: i <> j}:
    COAN[i,j] * b[i] * b[j] <= CMAX;

```

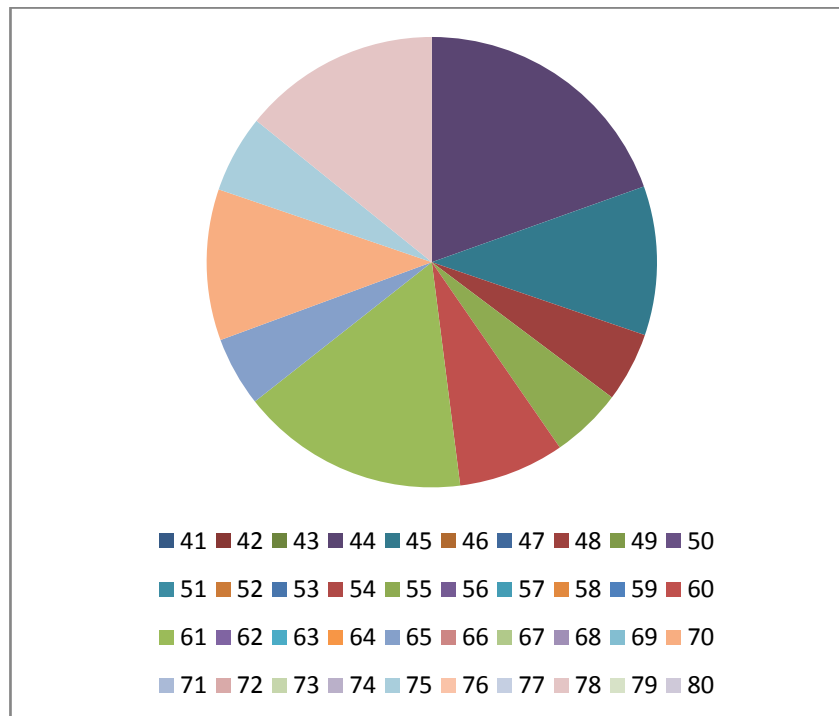
Jako při minulém scénáři jsme i tentokrát začali optimalizační úlohu při hodnotě efektivní velikosti populace = 1, tzn. že hodnota skupinové příbuznosti $\Theta = 0,5$. Při takových to podmínkách stejně jako u předchozího scénáře

získáme směs 5 klonů se schodným 20% zastoupením. Ostatní klony se do směsi nedostaly a jejich zastoupení je z tohoto důvodu nulové (viz graf č. 9).



Graf č. 9 - zastoupení klonů

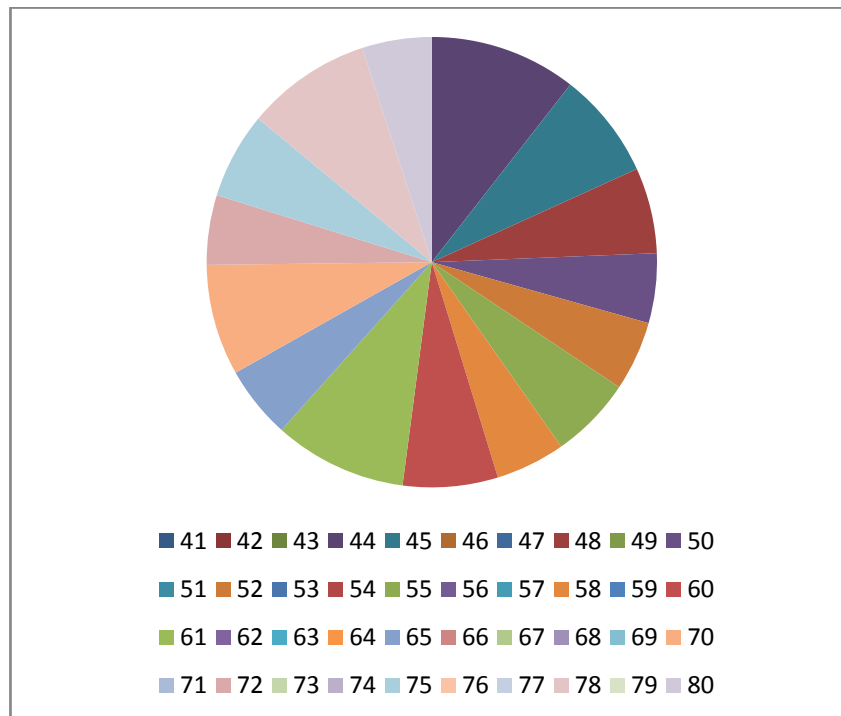
Střední hodnota N_E se opět rovná 4. Zde je již patrný vliv poslední omezující podmínky a to podmínky omezující příbuznost klonů ve výsledné směsi. Na rozdíl od druhého scénáře jsou zde hodnoty o malinko vyrovnanější. Nejvyšší podíl opět zastává klon č. 44, který při této hodnotě efektivní velikosti populace dosahuje zastoupení 19,545%. Více než 10% podílu dosáhlo při tomto scénáři 5 klonů (19,545%, 16,3974%, 14,1969%, 10,8547% a 10,7046%) což je o jeden více než u předchozího scénáře. Na dolní pětiprocentní hranici se vyskytují jenom 4 klony (5,0000%, 5,0001%, 5,1285% a 5,5659%). Celkově je za daných podmínek zastoupeno ve směsi 10 klonů (viz graf č. 10).



Graf č. 10 - zastoupení klonů

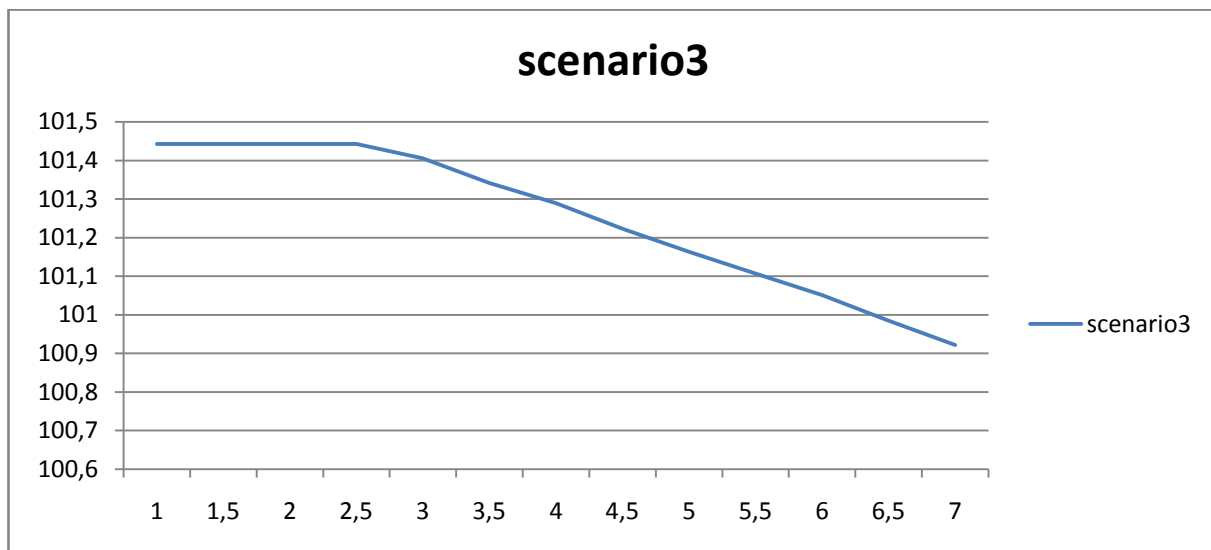
Maximální hodnota N_E , pro kterou platilo zadání, a splnila omezující podmínky lineární optimalizace, byla $N_E = 7$. V rámci této optimalizace proběhlo 314132 simplexových iterací (růst počtu iterací u tohoto scénáře mezi jednotlivými půlhodnotami by se dal přibližně vyjádřit kvadratickou funkcí).

Celková směs optimalizovaných klonů u tohoto řešení je tvořena 15 klony, to je o jeden klon méně než u předchozího druhého scénáře. Největší zastoupení měl opět klon č. 44 a to 10,5454%. Dále jsou zastoupeny klony č. 61 a č. 78, jejichž zastoupení dosahuje hodnot 9,54278% a 9,00168%. Na samé spodní pětiprocentní hranici se nachází 7 klonů, z čehož 5 klonů je zastoupeno přesně 5% a dva jsou zastoupeny lehce nad touto hranicí (5,2144 % a 5,89674%) (viz graf č. 11).



Graf č. 11 - zastoupení klonů

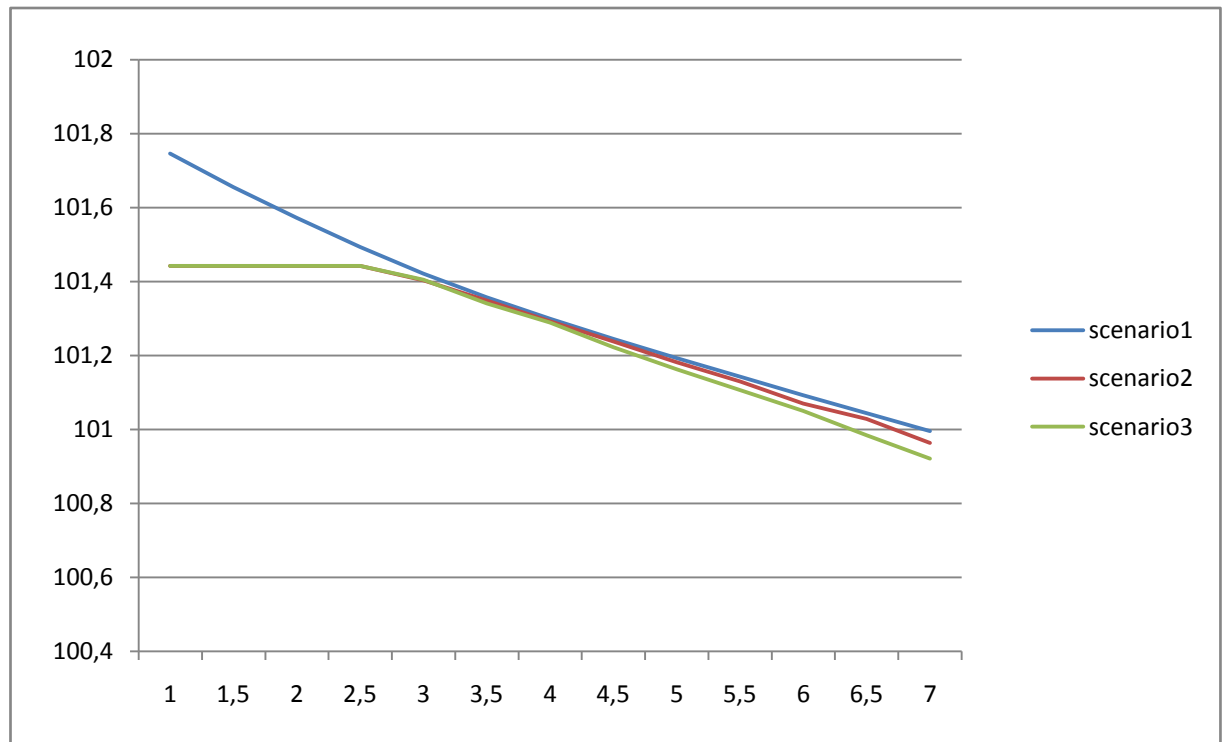
Z výsledků kriteriální funkce jsem opět sestavil graf, který znázorňuje velikost šlechtitelské hodnoty výsledné směsi v situaci, kdy dochází ke změnám ve velikosti hodnoty efektivní velikosti populace. Šlechtitelská hodnota směsi nabývá křivky tvaru konstantní funkce v intervalu N_E od 1 od 2,5. V tomto rozmezí nemá na výsledek optimalizace efektivní velikost populace žádný vliv, protože na výsledek zde má vliv omezující podmínka. Tato omezující podmínka nepřipouští podíl jednoho klonu na výsledné směsi větší než je 20%. Pro N_E větší než 2,5 platí postupná sestupná tendence, která nabývá přibližně tvaru křivky lineární funkce, která je ovlivněna tlakem na dostatečnou biologickou diverzitu v rámci semenného sadu. Klesání této křivky je o něco rychlejší, než tomu bylo u druhého scénáře (viz graf č. 12).



Graf č. 12 - Vlevo na ose Y můžeme vidět šlechtitelskou hodnotu šlechtěných klonů a na ose X vidíme hodnotu efektivní velikosti populace.

7.4. Porovnání scénářů

Zajímavé výsledky se dostanou na povrch ve chvíli, kdy se všechny tři grafy, které zobrazují vliv efektivní velikosti populace na šlechtitelskou hodnotu semenných sadů, protnou v jednom.



Graf č. 13 - Vlevo na ose Y můžeme vidět šlechtitelskou hodnotu šlechtěných klonů a na ose X vidíme hodnotu efektivní velikosti populace.

Nejviditelnější, ale co do důležitosti určitě ne na prvním místě, je vidět rozdíl mezi jednotlivými scénáři v rozmezí hodnot $N_E < 1; 2,5 >$, kdy je vidět absence omezující podmínky na minimální a maximální zastoupení jednotlivých klonů u prvního scénáře. V tomto intervalu výsledky kritériálních funkcí u druhého a třetího scénáře vykazovaly shodné hodnoty (viz graf č. 13).

Přibližně v rozmezí $N_E < 2,5 ; 4 >$ jsou křivky velmi vyrovnané a v podstatě totožné. V tomto intervalu, totiž byl na druhý a třetí scénář vyvíjen jen minimální tlak ze strany efektivní velikosti populace. Rovněž omezující podmínky na zastoupení jednotlivých klonů v této situaci se nepromítly velmi negativně do výsledků.

V následujícím intervalu, kde N_E nabývalo hodnot větších než 4, se již do značné míry projevují na výsledcích druhého a ještě více třetího scénáře omezující podmínky. Vliv omezující podmínky, která omezuje přítomnost příbuzenských klonů ve směsi, způsobuje "viditelnou" ztrátu šlechtitelské hodnoty semenného sadu.

8. Diskuze

Výsledky uvedené v předchozí kapitole potvrzují funkčnost námi vytvořeného optimalizačního modelu pro selekci klonů do semenných sadů. Rozdílné scénáře, které jsme v rámci otestování vyzkoušeli, tak ukazují praktickou nezbytnost některých kroků, které jsme provedli při této práci. Především se jedná o řadu omezujících podmínek, kterými jsme model zatížili, ale přitom jeho zápis zůstává velice krátký, intuitivní a elegantní.

Již výsledky prvního scénáře potvrdily, že funkční model nemůže být připraven bez omezujících podmínek na podíl zastoupení jednotlivých klonů ve výsledné směsi pro semenný sad. Horní limit pro zastoupení jednotlivých klonů je nezbytný pokud budeme předpokládat, že při výsadbě semenného sadu nebudeme brát ohled na efektivní velikost populace. Toto je ale v praxi prakticky vyloučeno. A už při hodnotě $N_E = 4,5$, klesá zastoupení klonu s nejvyšší šlechtitelskou hodnotou pod 20%, takže tu dochází k jistému samoregulačnímu procesu.

Daleko důležitější roli ve výsledné klonové směsi hraje přítomnost spodního limitu, který ovlivňuje minimální zastoupení jednotlivých klonů. V naší práci jsme pracovali jen s imaginárním souborem klonů, který čítal 40 jedinců, proto jsme spodní limit měli nastaven na hranici 5%. Pokud bychom ale vzali v potaz reálné podmínky, tak pokud bychom do semenného sadu vybírali cílový směr klonů čítající přibližně 50 - 70 jedinců (viz. předchozí kapitoly), tak bychom museli nastavit spodní hranici několikrát menší. I přesto výsledky u prvního scénáře prokázaly nezbytnost využití spodní hranice pro účast klonů v cílové směsi, protože se v prvním scénáři objevovaly klony, jejichž účast na celkové směsi byla natolik malá, že praxi by nebylo možné takto malou objednávku, buď z ekonomických nebo z čistě logických důvodů vůbec provést (nelze dodat počet klonů menší než 1).

Zajímavých výsledků jsme získali, pokud porovnáme druhý a třetí scénář. Tyto scénáře se od sebe liší v přítomnosti omezující podmínky na přítomnost příbuzenských klonů ve výsledné směsi. Při nejpřísnějších podmínkách, kdy

jsme nastavili hodnotu efektivní velikosti populace N_E rovnu 7, tak výslední rozdíl šlechtitelského zisku byl jen $4 \times 10^{-2}\%$. Tento výsledek poukazuje na výhodnost tohoto parametru v modelu. Minimální ztráta šlechtitelského zisku je zde vykoupena větší biologickou diverzitou.

Naopak v této situaci nastalo, že výsledná směs, která vznikla ve třetím scénáři, při omezující podmínce $NE = 7$ je složena jen s 15 nepříbuzenských klonů. U druhého scénáře při stejných podmínkách $NE = 7$ a podíl klonů musí být mezi 5 a 20% bylo do cílové šlechtitelské směsi vybráno 16 klonů, z čehož jsou dva sesterské páry neboli 4 klony. Již v úvodní teoretické části jsem věnoval tématu biodiverzity značný prostor, proto předpokládám, že tyto výsledky mají svoji validitu v kontextu této diplomové práce.

Na konci práce je potřebné zmínit, že výsledné modely jsou začleněny do vědeckého článku, který byl odeslán do impaktovaného vědeckého žurnálu.

9. Závěr

Diplomová práce si v úvodu kladla několik cílů a závěr práce je ideálním prostorem k zhodnocení celkové jeden a půl roční práce.

Celkově byla práce ztížena tím, že v polovině práce na diplomové práci jsme vyměnili původní programovací jazyk Python a řešitel Mosek, za AMPL a GUROBI. Proto lze i tuto práci považovat za jeden z prvních výstupů z tohoto prostředí. Změna to byla jistě pro diplomovou práci přínosná, protože software AMPL nabízí daleko intuitivnější uživatelské prostředí a řešitel GUROBI lze považovat za jeden z nejkvalitnějších dostupných řešitelů.

Dále je potřebné vyzdvihnout, že se v rámci diplomové práce podařilo vytvořit funkční model a program, který je schopen optimalizovat velká množství dat. Výsledný datový soubor, který byl použit v této diplomové práci obsahuje několik tisíc informací. V rámci testování jsme zkusili pracovat i s většími, například s maticí příbuznosti, která obsahovala přes 30 000 údajů.

Kód, který byl v této diplomové práci vytvořen, může být považován za finální produkt, který lze v současné době používat k optimalizaci semenných sadů. Do budoucna je tu vytvořen určitý předpoklad k navazující práci. Samotný kód modelu nejspíš už nebude muset upravovat, zajímavé by bylo hledat způsoby, kterými se automatizují pracovní činnosti při obsluze modelu. Další prostor pro automatizaci lze najít při vytváření datových souborů. V současné době se jedná o část optimalizace, která je časově nejnáročnější. Tento problém se nám podařilo jen částečně a to vytvořením samostatného programu v programovacím jazyce Python (viz. kapitola 6.1.6 - Iniciační soubor).

10. Použitá literatura

Publikace a práce:

BIXBY, Robert E.; A brief history of linear and mixed-integer programming computation in Documenta Mathematica, Texas, Documenta Mathematica. 2010, 16 s. ISBN není

COTTLE, Richard; JOHNSON, Ellis; WETS, Roger: George B. Danzig. Notices of the American Mathematical Society, 2007, 19 s.

ERIKSSON, Gösta; EKBERG, Inger; CLAPHAM, David: An introduction to Forest Genetics, 2. vydání, Uppsala: NA, 2007. 186 s. ISBN 91-576-7190-7

FOURER, Robert; GAY, David M.; KERNIGHAN, Brian: AMPL A Modeling Language for Mathematical Programming, 2.vydání, Duxbury, Thomson. 2003, 517 s. ISBN není

IVANEK, O.; KAŇÁK, J.; NOVOTNÝ, P.: Zakládání semenných sadu druhé generace

pro borovici lesní. Závěrečná technická zpráva projektu GS LCR 7/2007.

Strnady, Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, 2009. 40 s. ISBN není

IVANEK, O.; NOVOTNÝ, P.; FRÝDL, J.: Metodika zakládání semenných sadů 1,5. generace, 1. vydání, Strnady, Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, 2010. 31 s. ISBN 978-80-7417-037-9

KAŇÁK, J.; FRÝDL, J.; NOVOTNÝ, P.; CÁP, J.; 2008. Metodika uznávání semenných sadu. Lesnický průvodce, 1. vydání, Strnady, Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, 2008. 11 s. ISBN není

KAŇÁK, J.; KLÁPŠTĚ, J.; LSTIBŮREK, M.: Úvodní genetické hodnocení semenných sadů borovice lesní v západních Čechách. 1. vydání, 2009. 127 s., ISBN není

KOBLIHA, Jaroslav; FUNDA, T.: Světové trendy ve šlechtění lesních dřevin. In: Perspektivy lesnické dendrologie a šlechtění lesních dřevin. 1.vydání, Kostelec nad Černými lesy, FLE v Praze, 2004. 11 s. ISBN 80-213-1164-9

KOBLIHA, J.; LSTIBŮREK, M.: Význam semenných sadu jako produkčních populací lesních dřevin. In: Semenné sady jako zdroj kvalifikovaného reprodukčního materiálu. 20. - 21. 6. 2006 Bzenec, 1. vydání, Strnady, Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, 2006. 69 s. ISBN není

KOBLIHA, Jaroslav; LSTIBŮREK, Milan; SLÁVIK, M., MARUŠÁK, R.; STEJSKAL, J.; KLAPŠTĚ, J.; HYNEK, V., Metodika výpočtu ekonomické efektivity semenných sadu. FLD ČZU v Praze. 2011 ISBN není

LINDA, Bohdan; VOLEK, Josef: Lineární programování. 3. vydání, Pardubice, Univerzita Pardubice. 2009, 140 s., ISBN 978-80-7395-207-5

MAŇAS, Miroslav; Optimalizační metody. 1. vydání, Praha, Nakladatelství technické literatury, n.p. 1979, 260 s., L11-B3-IV-41f/11757

NEČÁSEK, Jan : Genetika. 1.vydání, Český Těšín : Těšínská tiskárna, a.s., 1993. 112 s. ISBN 80-85827-04-2

NEWMARK, William D.: Conserving Biodiversity in East African Forests, 1. vydání, Salt Lake City, Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 2002. NA s. ISBN 978-3-642-07629-9

PAULE, Ladislav; Genetika a šľachtenie lesných drevín, 1. vydání, Priroda, 180 s. ISBN 80-07-00409-2

PLESNÍK, J.; DUPAČOVÁ, J.; VLACH, M.: Lineárne programovanie, 1. vydání, Bratislava, ALFA, 1990, ISBN 80-05-00679-9

RYAN, Sean: Biodiversity, Edmonton, University of Alberta, 2011.
nepublikované

SIIVA FOREST FOUNDATION CERTIFICATION PROGRAM: Summary of Silva Forest Foundation Standards for Ecologically Responsible Timber Management, 1. vydání, Slocan Park, BC: Silva Forest Foundation Certification Program, 1999. 12 s. Canadian Charitable Registration No. 0902676-52

SMITH, David M.; LARSON, Bruce C.; KELTY, Matthew J.; ASHON, P. Mark S.: The practice of silviculture - Applied forest ecology. 9. vydání, Hoboken, NJ: John Wiley & Sons, Inc., 1997. 537 s. ISBN 978-0-471-10941-9

WHITE, Timothy L.; ADAMS, W. Thomas; NEALE, David B.: Forest Genetics, 1. vydání, Cambridge, MA: CABI Publishing, 2007. 702 s. ISBN 978-0-85199-083-5

ZELENÁ ZPRÁVA: Zpráva o stavu lesa a lesního hospodářství České republiky v roce 2012. 1. vydání, Praha, Ministerstvo zemědělství, 2013. 135 s. ISBN 978-80-7434-112-0

Zákony a zákonné normy a nálezy ústavního soudu:

ZÁKON Č. 149/2003 SB., o uvádění do oběhu reprodukčního materiálu lesních dřevin lesnický významných druhů a umělých kříženců, určeného k obnově lesa a k zalesňování, a o změně některých souvisejících zákonů (zákon o obchodu s reprodukčním materiálem lesních dřevin). Sbírka zákonů Česká republika, 2003,

Zdroje z internetu:

BERKA, Milan: metody operačního výzkumu, Dostupné: <http://www1.osu.cz/studium/mopv2/> aktualizace: 18.11.2008 (cit. 30.3.2014)

GUROBI: Gurobi, Dostupné: <http://www.gurobi.com/products/gurobi-optimizer/gurobi-overview>, aktualizace: 2014 (cit. 15. 3. 2014)

MITTELMANN, H.: Mixed Integer Linear Programming Benchmark (MILPLIB2010) Dostupné: <http://plato.asu.edu/ftp/milpc.html> aktualizace: 28.3.2014 (cit. 1. 4. 2014)

AMPL: AMPL, Dostupné: <http://www.ampl.com>, aktualizace 2014 (cit. 1.4. 2014)