

# ASMNW - Übung 1

*Peter von Rohr*

*2016-04-14*

## Kontrollfrage 1

Welches Modell wurde vor der Genomischen Selektion zur Zuchtwertschätzung verwendet und welche Tiere bekamen in diesem Modell Zuchtwerte?

## Kontrollfrage 2

Beim gängigen Verfahren zur genomischen Zuchtwertschätzung braucht es mehrere Schritte, wie sehen diese aus?

## Kontrollfrage 3

Was bedeuten die  $a$ -Werte in den Modellen der genomischen Zuchtwertschätzung und welchem genetischen Modell werden diese entnommen?

## Kontrollfrage 4

Im Paper zur Deregression stehen nach Gleichung (8) zwei Probleme, weshalb mit BLUP geschätzte Zuchtwerte nicht ideal sind als Beobachtungen in genomischer Zuchtwertschätzung. Fassen Sie diese zwei Probleme kurz zusammen.

## Aufgabe 1: Reduktion der Varianz

Bei der BLUP-Zuchtwertschätzung haben die geschätzten Zuchtwerte im Vergleich zu den phänotypischen Werten eine reduzierte Varianz. Dies können wir an folgendem Beispiel mit R zeigen. Wir verwenden dazu einen Datensatz aus einer Übung der Züchtungslehre. Der Datensatz wird mit folgendem Befehl eingelesen:

```
dfLmm <- read.csv2(file =  
  "http://charlotte-ngs.github.io/LivestockBreedingAndGenomics/w7/z1_w7_u5_DataLmm.csv")
```

Die Struktur der Daten können wir mit dem Befehl `str` anzeigen. Die Kolonne `y` enthält die beobachteten Daten.

```
str(dfLmm)
```

BLUP-Zuchtwerte werden mit dem Package `pedigreemm` geschätzt.

```
library(pedigreemm)
nAnzAnim <- 6
pedP1 <- pedigree(sire = as.integer(c(NA,NA,1, 1,4,5)),
                 dam  = as.integer(c(NA,NA,2,NA,3,2)),
                 label = as.character(1:nAnzAnim))

fitReml <- pedigreemm(formula = y ~ FixerFactor + (1 | ID),
                     data = dfLmm,
                     pedigree = list(ID = pedP1))
```

Die geschätzten Zuchtwerte erhalten wir aus dem Slot `u` aus dem Resultat-Objekt `fitReml`. Der Befehl

```
fitReml@u
```

zeigt den Vektor der geschätzten Zuchtwerte. Die Funktion `var()` kann nun verwendet werden um die Varianz der Beobachtungen mit der Varianz der geschätzten Zuchtwerte zu vergleichen.