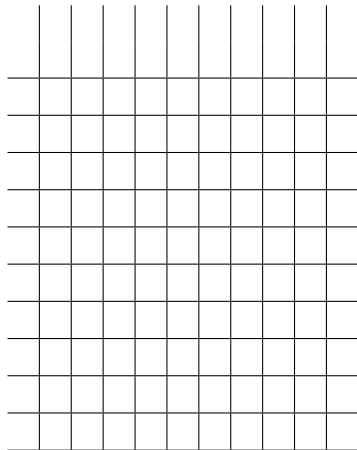




# Verwandschaft - Inzucht - Inverse Verwandschaftsmatrix

Peter von Rohr

# Beispiel der Matrixmethode



# Matrixmethode - Tiere anordnen

NA (Not Available) ist ein Platzhalter für das unbekannte Tier

	NA	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
NA											
A											
B											
C											
D											
E											
F											
G											
H											
I											
J											

# Matrixmethode - Eltern eintragen

Fehlen die Eltern, soll NA verwendet werden

	NA	A	B	C	D	A B E	B C F	C D G	E F H	F G I	H I J
NA											
A											
B											
C											
D											
E											
F											
G											
H											
I											
J											

# Matrixmethode - Initialisierung

Zeile und Kolonne für NA auf 0 setzen

	NA	A	B	C	D	A B	B C	C D	E F	F G	H I
	NA	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
NA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0										
B	0										
C	0										
D	0										
E	0										
F	0										
G	0										
H	0										
I	0										
J	0										

## Matrixmethode - Elemente berechnen

- Elemente werden Zeile für Zeile von links nach rechts berechnet
- Unterscheidung zwischen Diagonalelementen und Nicht-Diagonalelementen
- **Diagonalelement** für Tier  $X$ :  $1 + F_X$ , wobei  $F_X$  der Inzuchtgrad von Tier  $X$ . Hat Tier  $X$  unbekannte Eltern, dann ist  $F_X = 0$
- **Nicht-Diagonalelementen** zwischen Tier  $X$  und Tier  $Y$  steht im Feld der Zeile für Tier  $X$  und in der Kolonne für Tier  $Y$ . Wird berechnet als

$$a_{X,Y} = \frac{1}{2} (a_{X,m(Y)} + a_{X,v(Y)})$$

wobei  $m(Y)$  die Mutter von  $Y$  ist und  $v(Y)$  der Vater von  $Y$  ist

- Sind Eltern von  $Y$  unbekannt  $\rightarrow a_{X,m(Y)} = a_{X,v(Y)} = 0$

# Matrixmethode - Zweite Zeile, unbekannte Eltern

- Erstes Element ist ein Diagonalelement  $\rightarrow a_{A,A} = 1 + F_A = 1$
- Zweites Element ist ein Nicht-Diagonalelement  $\rightarrow$

$$a_{A,B} = \frac{1}{2} (a_{A,m(B)} + a_{A,v(B)}) = 0$$

- Analog für  $a_{A,C}$  und  $a_{A,D}$

	NA	A	B	C	D	A B E	B C F	C D G	E F H	F G I	H I J
NA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	1	0	0	0						
B	0										

# Matrixmethode - Zweite Zeile, bekannte Eltern

- Additiv genetischer Verwandtschaftsgrad zwischen A und E

$$a_{A,E} = \frac{1}{2} (a_{A,m(E)} + a_{A,v(E)}) = \frac{1}{2} (a_{A,B} + a_{A,A}) = \frac{1}{2} (0 + 1) = 0.5$$

- Analog für F bis J

	NA	A	B	C	D	A B E	B C F	C D G	E F H	F G I	H I J
NA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	1	0	0	0	0.5					
B	0										



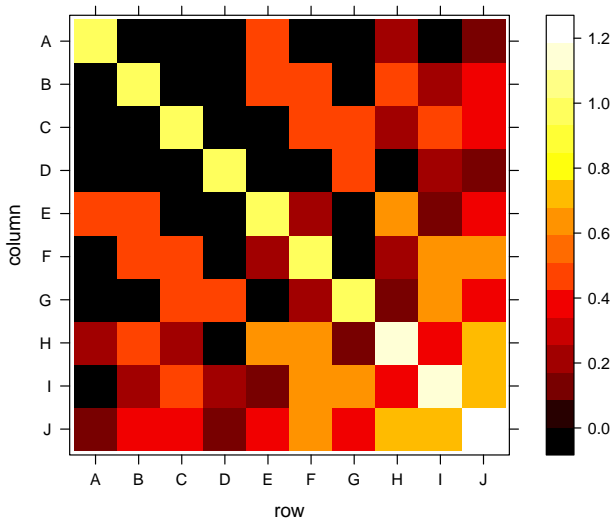
# Matrixmethode - Übertragen

	NA	A	B	C	D	A B E	B C F	C D G	E F H	F G I	H I J
NA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	1	0	0	0	0.5	0	0	0.25	0	0.125
B	0	0									
C	0	0									
D	0	0									
E	0	0.5									
F	0	0									
G	0	0									
H	0	0.25									
I	0	0									
J	0	0.125									

# Matrixmethode

- Schritte “Berechnung” - “Übertragen” wiederholen bis alle Felder der Matrix gefüllt sind
- erste Zeile und erste Kolonne, welche zu NA gehören wieder streichen
- Resultat entspricht der additiv genetischen Verwandtschaftsmatrix
- Bedeutung der Werte in den Feldern - mittlere Wahrscheinlich für IBD
- Visualisierung mit Heatmap

# Heatmap



# Verwandtschaftsmatrix und ihre Inverse

- Kovarianz-Matrix der additiv-genetischen Effekte zwischen Tieren:  
 $Var(\mathbf{g}) = \mathbf{A} * \sigma_g$ , wobei  $\mathbf{A}$  die additive genetische Verwandtschaftsmatrix
- In BLUP Zuchtwertschätzung (siehe später) wird Inverse von  $\mathbf{A}$  gebraucht
- Aufstellen von  $\mathbf{A}$  und anschliessendes Invertieren funktioniert nicht
- Für grosse Datensätze muss Inverse direkt aufgestellt werden

# Direktes Aufstellen der Inversen

Einige Fakten aus der Matrix Algebra

- Eine symmetrische Matrix **A** lässt sich als Produkt

$$\mathbf{A} = \mathbf{TDT}^T$$

schreiben

- **T** ist eine untere Dreiecksmatrix
- **D** ist eine Diagonalmatrix
- Für die Inverse gilt

$$\mathbf{A}^{-1} = (\mathbf{TDT}^T)^{-1} = (\mathbf{T}^T)^{-1} \mathbf{D}^{-1} \mathbf{T}^{-1} = (\mathbf{T}^{-1})^T \mathbf{D}^{-1} \mathbf{T}^{-1}$$

- Matrizen **D** und **T** sind einfacher zu invertieren