



# Übersicht und Zusammenfassung

Peter von Rohr

# Selektion, Zuchtziel, Gesamtzuchtwert und Index

Techniken in der Tierzucht

*Gezielte Paarung und Künstliche Selektion*

Zuchtziel

Idealvorstellung eines Zuchttieres

Gesamtzuchtwert  $H$  und Index  $I$

- Gesamtzuchtwert  $H = \mathbf{v}^T * \mathbf{g}$  entspricht der mathematische Formulierung des Zuchtziels, wobei  $\mathbf{v}$ : wirtschaftliche Gewichte und  $\mathbf{g}$ : Zuchtwerte
- Index  $I = \mathbf{b}^T * \mathbf{p}$  ist ein Schätzer für  $H$ , wobei  $\mathbf{b}$  Indexgewichte und  $\mathbf{p}$  verfügbaren Informationen (Phänotypen, Nachkommendurchschnitte, geschätzte Zuchtwerte, ...)

# Einführung in R

## Datentypen

numeric, integer, complex, character, factor

## Funktionen

- Funktionsdefinition
- Parameter p
- Funktions-Body
- Allg.: `funktionsName <- function(p){Funktions-Body}`

## Loops, Bedingungen

- for-loops: `for (i in untereGrenze:obereGrenze){...}`
- if-Bedingungen: `if (Bedingung){wahr} else {falsch}`

# Vektoren, Matrizen, Indexgleichung

## Vektoren und Matrizen

- Operationen: Addition (komponenten-weise), Skalarprodukt, Transponieren, Matrixinversion
- Lineare Gleichungssysteme:  $\mathbf{A} * \mathbf{x} = \mathbf{b} \rightarrow \mathbf{x} = \mathbf{A}^{-1} * \mathbf{b}$

## Indexgleichung

- Finde Indexgewichte  $\mathbf{b}$  so, dass  $r_{HI}$  maximal oder  $E[H - I]$  minimal
- Resultat  $\mathbf{P} * \mathbf{b} = \mathbf{G} * \mathbf{v} \rightarrow \mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1} * \mathbf{G} * \mathbf{v}$

## Werte und Varianzen

Genotyp	genotypischer Wert	Zuchtwert	Dominanzabweichung
$G_i G_j$	$V_{ij}$	$ZW_{ij}$	$D_{ij}$
$G_1 G_1$	$a$	$2q\alpha$	$-2q^2d$
$G_1 G_2$	$d$	$(q - p)\alpha$	$2pqd$
$G_2 G_2$	$-a$	$-2p\alpha$	$-2p^2d$

- Die genotypischen Werte können mit folgendem Modell beschrieben werden

$$V_{ij} = \mu + ZW_{ij} + D_{ij}$$

- Genetische Varianz

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 = 2pq\alpha^2 + (2pqd)^2$$

# Verwandtschaft und Inzucht

## Verwandtschaft - direkt

$$a_{xy} = \sum_{\text{Pfade}} \left(\frac{1}{2}\right)^{t_1+t_2} (1 + F_Z)$$

wobei  $F_Z$  der Inzuchtgrad des gemeinsamen Ahnen  $Z$  ist

## Inzucht

$$F_i = \frac{1}{2} a_{m,v}$$

wobei  $a_{m,v}$ : Verwandtschaftskoeffizient zwischen Eltern  $m$  und  $v$

## Verwandtschaft - rekursiv - Matrixmethode

Diagonale  $a_{ii} = 1 + F_i$ , Neben-Diagonale:  $a_{i,j} = \frac{1}{2} (a_{m,j} + a_{v,j})$

# Inverse Verwandtschaftsmatrix

## Regeln

- Hat Tier  $i$  bekannte Eltern  $m$  und  $v$ , dann wird
- $\alpha_i$  zum Element  $(i, i)$  addiert
- $-\frac{\alpha_i}{2}$  zu den Elementen  $(m, i)$ ,  $(i, m)$ ,  $(v, i)$  und  $(i, v)$
- $\frac{\alpha_i}{4}$  zu den Elementen  $(m, m)$ ,  $(m, v)$ ,  $(v, m)$  und  $(v, v)$
- Falls Elternteile fehlen, dann werden entsprechende Teile weggelassen

## Berechnung der $\alpha_i$

unterschiedlich ob Inzucht berücksichtigt wird oder nicht

# Varianzkomponentenschätzung

## ANOVA

Aufteilung der Summenquadrate in Anteil, welcher durch Modell erklärbar und Restanteil (siehe R-Funktion "anova()")

## Likelihood-basiert

- Likelihood definiert als gemeinsame Dichteverteilung aller Daten gegeben die Parameter
- ML: Parameterschätzer, wo Likelihood maximal
- REML: Likelihood nicht aufgrund von Beobachtungen, sondern aufgrund von Residuen
- In R: "lm()", "lme()" oder "nlme()"

# Varianzkomponentenschätzung II

## Bayes

- Parameterschätzung aufgrund der aposteriori Dichteverteilung der Parameter gegeben die Daten
- Apriori Information werden bei Schätzungen berücksichtigt
- Schätzwerte basieren auf Erwartungswert und Varianz der aposteriori Dichteverteilungen
- Sind aposteriori Dichteverteilungen keine Standardverteilungen werden Momente durch numerische Integration approximiert