

# Tierzucht und Selektionsindex

Peter von Rohr

2016-10-07

# Fundamentale Fragen

1. Welches Tier ist das beste?
2. Wie sollen Tiere ausgewählt werden, dass ihre Nachkommen besser sind als die aktuelle Population

# Bestes Tier

- ▶ “Bestes Tier”: relativer Begriff, abhängig von der Umwelt
- ▶ Beschreibung von Tieren basiert auf **Merkmalen**
- ▶ Beispiele für beobachtete Merkmale sind
  - ▶ Fellfarbe
  - ▶ Grösse
  - ▶ Bemuskelung
  - ▶ Fundament
  - ▶ Euter
- ▶ Beispiele für messbare Merkmale sind
  - ▶ Körpergewicht
  - ▶ Milchproduktion
  - ▶ Wachstum
  - ▶ Futteraufnahme

# Genetische Veränderung

- ▶ Tierzucht beschäftigt sich mit längerfristigen genetischen Veränderungen von Populationen
- ▶ Genetisches Potential wird von einer Generation an die nächste weitergegeben
- ▶ Beobachtbar sind phänotypische Merkmale
- ▶ Zusammenhang zwischen Phänotyp  $y$  und Genotyp  $g$

$$y = \mu + g + \epsilon$$

# Zerlegung des Genotypischen Wertes

- ▶ Genotypischer Wert in Zuchtwert  $a$ , Dominanzabweichung  $d$  und Epistasie  $i$

$$y = \mu + a + d + i + \epsilon$$

- ▶ Neugruppierung von  $d$ ,  $i$  und  $\epsilon$  in  $e$

$$y = \mu + a + e$$

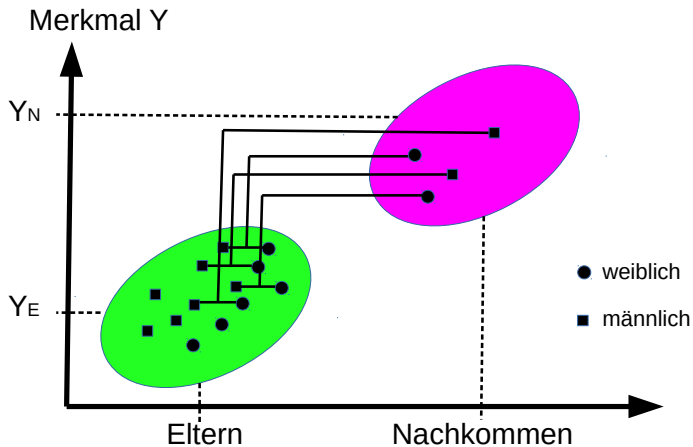
- ▶ additiver Effekt ist wichtig bei züchterischer Veränderung einer Population

# Auswahl der Elterntiere

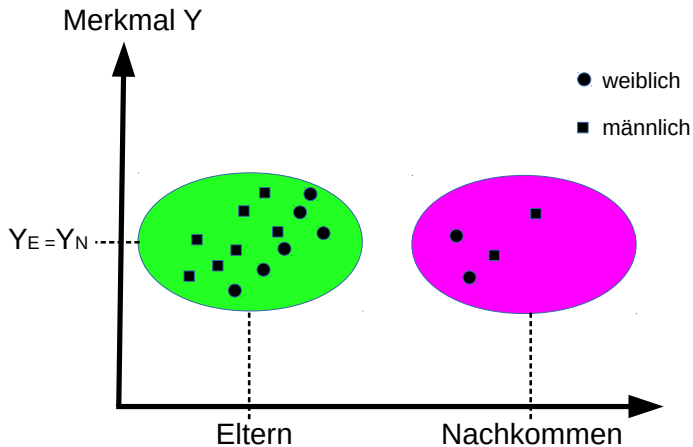
Zwei Werkzeuge

1. Selektion
2. Gezielte Anpaarung

# Selektion

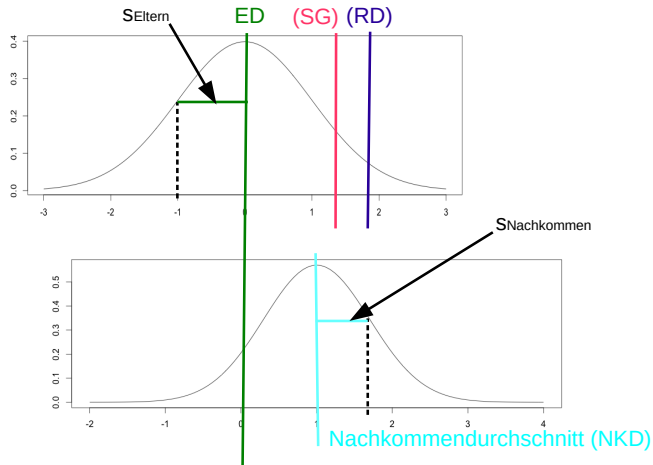


# Vermehrung





# Resultat der gerichteten Selektion



ED: Elterndurchschnitt, SG: Selektionsgrenze, RD:  
Remontendurchschnitt

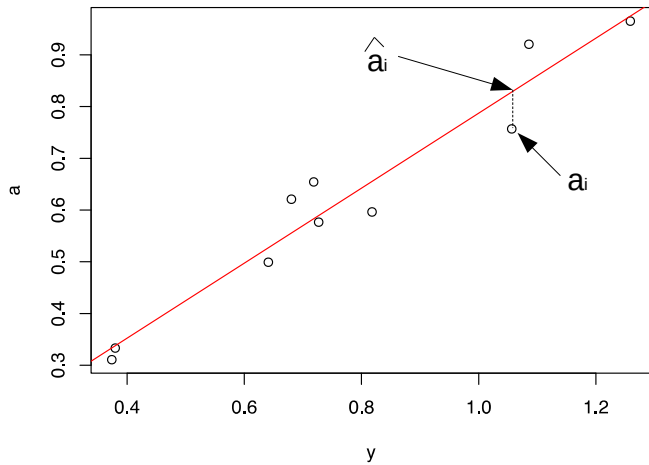
# Gezielte Paarung

- ▶ verschieden von Selektion
- ▶ Zuordnung der Paarungspartner
- ▶ verschiedene Kriterien
  - ▶ Maximierung des Zuchtwertes
  - ▶ Ausnützung gegensätzlicher Eigenschaften
  - ▶ Erzielung von Heterosis-Effekten
- ▶ Paarungen innerhalb Rasse → **Reinzucht**
- ▶ Paarungen zwischen Rassen → **Kreuzungszucht**

# Zuchtwertschätzung mit verschiedenen Informationsquellen

- ▶ Gegensatz: Quantitative Genetik - Berechnung der wahren Zuchtwerte aufgrund
  - ▶ Allelfrequenzen
  - ▶ Genotypischer Werte
- ▶ Hier: Schätzung der Zuchtwerte aufgrund von phänotypischen Beobachtungen
  - ▶ unterliegendes Modell
  - ▶ Schätzung basiert auf Regression der wahren Zuchtwerte auf phänotypische Beobachtungen
  - ▶ Schätzfehler

# Regression



# Einzelne Eigenleistung

- ▶ Modell:

$$y_{ij} = \mu_i + a_i + e_{ij}$$

- ▶ geschätzter Zuchtwert:

$$\hat{a}_i = b(y_i - \mu)$$

- ▶ Regressionskoeffizient:

$$b = \frac{\text{cov}(a, y)}{\text{var}(y)} = \frac{\text{var}(a)}{\text{var}(y)} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_y^2} = h^2$$

$$\rightarrow \hat{a}_i = h^2(y_i - \mu)$$

## Einzelne Eigenleistung II

- ▶ Genauigkeit: Korrelation zwischen Selektionskriterium und wahren Zuchtwert

$$r_{a,y} = \frac{\text{cov}(a, y)}{\sigma_a \sigma_y} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a \sigma_y} = h$$

- ▶ Erwarteter Selektionserfolg pro Generation: Verbesserung der Nachkommen im Vergleich zu den Eltern

$$R = i r_{a,y}^2 \sigma_y = i h^2 \sigma_y$$

wobei  $i$  die Selektionsintensität ist. Diese entspricht der Überlegenheit der selektierten Individuen ausgedrückt in Einheiten einer phänotypischen Standardabweichung.

# Wiederholte Messungen

- ▶ mehrere wiederholte Messungen des gleichen Merkmals
- ▶ Modell:

$$\text{var}(y) = \text{var}(a) + \text{var}(pe) + \text{var}(te)$$

- ▶ Wiederholbarkeit:

$$t = \frac{\text{var}(a) + \text{var}(pe)}{\text{var}(y)}$$

- ▶ Zuchtwert  $\hat{a}_i$  aufgrund des Mittelwertes  $\bar{y}$

$$\hat{a}_i = b(\bar{y}_i - \mu)$$

## Wiederholte Messungen II

- ▶ Regressionskoeffizient  $b$

$$b = \frac{\text{cov}(a, \bar{y})}{\text{var}(\bar{y})}$$

- ▶ Zähler Covarianz

$$\text{cov}(a, \bar{y}) = \text{cov}(a, a + pe + \frac{1}{n} \sum te) = \sigma_a^2$$

- ▶ Nenner Varianz

$$\text{var}(\bar{y}) = \text{var}(a) + \text{var}(pe) + \frac{1}{n} \text{var}(te) = [t + (1 - t)/n] \sigma_y^2$$



## Wiederholte Messungen III

- ▶ Einsetzen in Regressionskoeffizienten

$$b = \frac{\text{cov}(a, \bar{y})}{\text{var}(\bar{y})} = \frac{\sigma_a^2}{[t + (1-t)/n] \sigma_y^2} = \frac{nh^2}{1 + (n-1)t}$$

- ▶ Einsetzen in geschätzten Zuchtwert

$$\hat{a}_i = b(\bar{y}_i - \mu) = \frac{nh^2}{1 + (n-1)t} (\bar{y}_i - \mu)$$

# Wiederholte Messungen IV

- ▶ Genauigkeit

$$\begin{aligned}r_{a,\bar{y}} &= \frac{\text{cov}(a, \bar{y})}{\sigma_a \sigma_{\bar{y}}} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a \sigma_y \sqrt{[t + (1-t)/n]}} \\ &= \frac{h\sqrt{n}}{\sqrt{(1 + (n-1)t)}} = \sqrt{\frac{nh^2}{1 + (n-1)t}} = \sqrt{b}\end{aligned}$$

- ▶ Zuwachs an Genauigkeit

$$\frac{r_{a,\bar{y}}}{r_{a,y}} = \frac{\sqrt{\frac{nh^2}{1+(n-1)t}}}{h} = \sqrt{\frac{n}{1+(n-1)t}}$$

# Nachkommen

- ▶  $\tilde{y}_s$ : Mittelwert von  $n$  Nachkommen von Stier  $s$
- ▶ Zuchtwert für Stier  $s$ :

$$\hat{a}_s = b(\tilde{y}_s - \mu)$$

- ▶ Regressionskoeffizient:

$$b = \frac{\text{cov}(a, \tilde{y})}{\text{var}(\tilde{y})}$$

## Nachkommen II

- ▶ Zerlegung:

$$\tilde{y}_s = \mu + \frac{1}{n} \sum_i a_i + \frac{1}{n} \sum_i e_i$$

wobei:  $a_i = \frac{1}{2}(a_s + a_{d(i)}) + m_i$

- ▶  $s$  und  $d$  nicht verwandt,  $a_s$  ist konstant und  $\sum_i m_i = 0$

$$\tilde{y}_s = \mu + \frac{1}{2}a_s + \frac{1}{n} \sum_i a_{d(i)}/2 + \frac{1}{n} \sum_i e_i$$

## Nachkommen III

- ▶ Kovarianz:

$$\begin{aligned} \text{cov}(a, \tilde{y}) &= \text{cov}\left(a, \mu + \frac{1}{2}a_s + \frac{1}{n} \sum_i a_{d(i)}/2 + \frac{1}{n} \sum_i e_i\right) \\ &= \text{cov}\left(a, \frac{1}{2}a_s\right) = \frac{1}{2} \text{cov}(a, a_s) = \frac{1}{2} \text{var}(a) \end{aligned}$$

- ▶ Varianz:

$$\text{var}(\tilde{y}) = [t + (1 - t)/n] \sigma_y^2$$

$$\text{mit } t = \frac{0.25\sigma_a^2}{\sigma_y^2} = \frac{1}{4}h^2$$

## Nachkommen IV: Regressionskoeffizient

$$\begin{aligned} b &= \frac{\frac{1}{2}\sigma_a^2}{[t + (1 - t)/n] \sigma_y^2} \\ &= \frac{\frac{1}{2}h^2\sigma_y^2}{\left[\frac{1}{4}h^2 + (1 - \frac{1}{4}h^2)/n\right] \sigma_y^2} \\ &= \frac{\frac{1}{2}nh^2}{\frac{1}{4}nh^2 + (1 - \frac{1}{4}h^2)} \\ &= \frac{2nh^2}{nh^2 + 4 - h^2} \\ &= \frac{2n}{n + \frac{(4-h^2)}{h^2}} \\ &= \frac{2n}{n + k} \end{aligned}$$

wobei  $k = \frac{(4-h^2)}{h^2}$

## Nachkommen V: Zuchtwert und Genauigkeit

$$\hat{a}_s = \frac{2n}{n+k} (\tilde{y}_s - \mu)$$

$$\begin{aligned} r_{a,\tilde{y}} &= \frac{\text{cov}(a, \tilde{y})}{\sqrt{\text{var}(a) \text{var}(\tilde{y})}} \\ &= \frac{\frac{1}{2} \text{var}(a)}{\sqrt{\text{var}(a) \left[ \frac{1}{4} h^2 + (1 - \frac{1}{4} h^2)/n \right] \sigma_y^2}} \\ &= \frac{\frac{1}{2} h^2 \sigma_y^2}{\sqrt{h^2 \sigma_y^2 \left[ \frac{1}{4} h^2 + (1 - \frac{1}{4} h^2)/n \right] \sigma_y^2}} \\ &= \sqrt{\frac{nh^2}{nh^2 + (4 - h^2)}} \\ &= \sqrt{\frac{n}{n+k}} \end{aligned}$$

# Selektionsindex

- ▶ Früher: Zuchtwerte eines Merkmals aufgrund verschiedener phänotypischer Informationsquellen

$$l_i = \hat{a}_i = b_1(y_1 - \mu_1) + b_2(y_2 - \mu_2) + b_3(y_3 - \mu_3) + \dots$$

- ▶ Heute: Schätzung des Gesamtzuchtwertes



# Gesamtzuchtwert

- ▶ mathematische Formulierung des Zuchtziels

$$H = w_1 * a_1 + w_2 * a_2 + w_3 * a_3 + \dots$$

- ▶ Schätzung mit

$$I = \hat{H} = b_1 * x_1 + b_2 * x_2 + \dots$$

wobei  $x_i$  verfügbare Informationen, meist mit BLUP geschätzte Zuchtwerte.

# Indexgleichung

- ▶ Aufgrund der Anforderung, dass  $I$  den Gesamtzuchtwert  $H$  möglichst gut schätzen soll, folgt die **Indexgleichung**

$$Pb = Gw$$

wobei  $P$  die Co-Varianzmatrix der Informationen im Index und  $G$  die genetische Co-Varianzmatrix zwischen Informationen im Index und den Merkmalen im Gesamtzuchtwert

- ▶ Bestimmung der Gewichte  $b$  als

$$b = P^{-1}Gw$$