

## 9.7 Anhang: Herleitung der Diagonalelemente von $\mathbf{A}$

Die hier gezeigte Herleitung basiert auf den Ausführungen im Kapitel 15 von (Falconer and Mackay, 1996). Die Diagonalelemente  $(A)_{ii}$  der genetisch-additiven Verwandtschaftsmatrix entsprechen gemäss der allgemeinen Definition einer Varianz-Kovarianz-Matrix der Varianz ( $Var(a_i)$ ) des Zuchtwerts  $a_i$ . Wir haben schon früher gesehen, dass diese Varianz von der additiv-genetischen Varianzkomponente  $\sigma_a^2$  und vom Inzuchtgrad  $F_i$  des Tieres  $i$  abhängen.

$$Var(a_i) = (1 + F_i)\sigma_a^2$$

Weshalb diese Formel für  $Var(a_i)$  gilt, wollen wir in der folgenden Herleitung zeigen.

### 9.7.1 Ein-Locus Modell

Zur Vereinfachung betrachten wir wieder das Ein-Locus Modell aus der quantitativen Genetik. Gegeben sei also ein Genort  $G$  mit zwei Allelen  $G_1$  und  $G_2$  und drei möglichen Genotypen. Weiter nehmen wir an, dass der Locus  $G$  rein additiv ist, dass also der Wert  $d = 0$  ist. Somit können wir die genotypischen Werte und die Zuchtwerte wie folgt zusammenfassen.

Genotypen	Frequenz	Werte	Zuchtwerte
$G_1G_1$	$p^2$	$a$	$2qa$
$G_1G_2$	$2pq$	$0$	$(q - p)a$
$G_2G_2$	$q^2$	$-a$	$-2pa$

Für die Zahlen in der oben gezeigten Tabelle nehmen wir an, dass die Genotypen nach dem Hardy-Weinberg-Gleichgewicht verteilt sind und dass die Population frei von Inzucht ist. Lassen wir die Annahme betreffend der Inzucht fallen und nehmen an, dass am Locus  $G$  ein mittlerer Inzuchtgrad von  $F$  vorliegt, so verändern sich die Frequenzen wie folgt.

Genotypen	Frequenz
$G_1G_1$	$p^2 + pqF = p(p + qF)$
$G_1G_2$	$2pq - 2pqF = 2pq(1 - F)$
$G_2G_2$	$q^2 + pqF = q(q + pF)$

Bei einem mittleren Inzuchtgrad von  $F \neq 0$  sinkt der Anteil der heterozygoten Genotypen  $G_1G_2$  und der Anteil der homozygoten Genotypen  $G_1G_1$  und  $G_2G_2$  steigt. Diese Verschiebung der Anteile hat Konsequenzen auf die Berechnung der additiv genetischen Varianz. Das Populationsmittel  $\mu$  entspricht nun

$$\mu = (p^2 + pqF) * a - (q^2 + pqF) * a = (p^2 - q^2)a = (p - q)a$$

und ist unter der Annahme, dass  $d = 0$  ist, unabhängig von  $F$ . Für die Herleitung der Änderung der genetisch-additiven Varianz durch Inzucht unterteilen wir die gesamte berücksichtigte Population in verschiedene Linien. Durch den Effekt der Inzucht verschieben sich die Allelfrequenzen in den verschiedenen Linien hin zu den Extremwerten 0 oder 1. Durch die Verschiebung der Allelfrequenzen zu den Extremwerten, nimmt die Varianz innerhalb der Linien ab. Durch die Aufteilung der Population in Linien gibt es aber eine neue Varianzkomponenten, nämlich die Varianz zwischen den Linien.

Für den einfachsten Fall ohne Dominanz mit  $d = 0$  und nur einem Genort ist die genetisch additive Varianz  $V_G$  gegeben als

$$V_G = 2pqa^2$$

Die mittlere genetische Varianz innerhalb der Linien beträgt

$$V_{Gw} = 2(\bar{p}q)a^2$$

wobei  $\bar{p}q$  dem mittleren Wert von  $pq$  über alle Linien entspricht. Gemäss der obigen Tabelle mit den Frequenzen gilt

$$(\bar{p}q) = pq(1 - F)$$

Somit ist

$$V_{Gw} = 2(\bar{p}q)a^2 = 2pq(1 - F)a^2 = V_G(1 - F)$$

Die neue Varianzkomponente zwischen den Linien entspricht der Varianz des Mittels  $\mu$  der einzelnen Linien und wir haben gesehen, dass  $\mu = a(p - q) = a(1 - 2q)$ . Die Varianz von  $\mu$  erhalten wir nun als

$$\sigma_\mu^2 = 4a^2\sigma_q^2 = 4a^2pqF = 2FV_G$$

wobei  $\sigma_q^2$  die Varianz der Allelfrequenz  $q$  zwischen den Linien darstellt. Die totale genetisch-additive Varianz erhalten wir nun durch das Summieren der Varianz zwischen den Linien  $\sigma_\mu^2$  und der Varianz innerhalb der Linien  $V_{Gw}$ . Somit erhalten wir

$$V_A = \sigma_\mu^2 + V_{Gw} = 2FV_G + V_G(1 - F) = (1 + F)V_G$$

### 9.7.2 Generalisierung

Dieser Ausdruck entspricht den Diagonalelementen der additiv genetischen Verwandtschaftsmatrix. Da wir in der Herleitung nur einen rein additiven Locus berücksichtigt haben und mögliche Effekte von Dominanz und Epistasie vernachlässigt haben, ist das erhaltene Resultat eine Näherung, welche aber auch für den Fall von sehr vielen Genorten mit kleiner Wirkung zu keinen grossen Fehlern führt.

# Bibliography

Bulmer, M. (1980). *The mathematical theory of quantitative genetics*. Clarendon Press.

Dempfle, L. (1987). Problems in the use of the relationship matrix in animal breeding. International Symposium, Armidale. Notes for Participants.

Falconer, D. and Mackay, T. (1996). *Introduction To Quantitative Genetics*. Addison Wesley Longman.

Hofer, A. (1990). *Schätzung von Zuchtwerten feldgeprüfter Schweine mit einem Mehrmerkmals-Tiermodell*. PhD thesis, ETH Zürich.