

# Züchtungslehre - Inverse Verwandtschaftsmatrix

Peter von Rohr

2017-10-27

# Verwandtschaftsmatrix

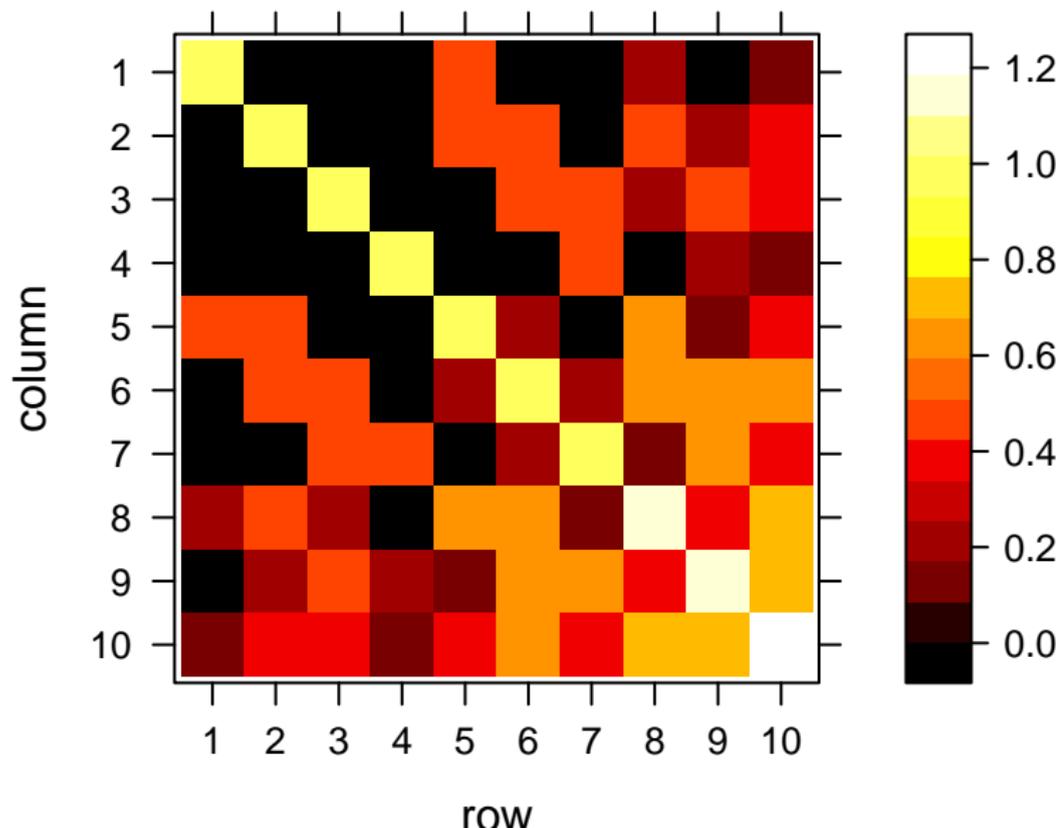
- ▶ Wichtig für BLUP Zuchtwertschätzung, da Kovarianz bestimmt durch Verwandtschaft
- ▶ Tiere ohne phänotypische Leistungen bekommen über Kovarianz auch geschätzte Zuchtwerte
- ▶ Kovarianz-Matrix der Zuchtwerte  $a$  gegeben durch

$$\text{var}(a) = A * \sigma_a^2$$

wobei:  $a$  - Vektor der Zuchtwerte,  $A$  - Verwandtschaftsmatrix,  $\sigma_a^2$  - genetisch additive Varianz

# Graphische Darstellung der Verwandtschaftsmatrix

```
## Warning: package 'lme4' was built under R version 3.4.2
```



## Zerlegung der Verwandtschaftsmatrix

$$A = L * D * L^T$$

wobei  $L$  eine linke untere Dreiecksmatrix ist und  $D$  einer Diagonalmatrix entspricht. Aufgrund dieser Zerlegung lässt sich die Inverse  $A^{-1}$  der Verwandtschaftsmatrix  $A$  sehr einfach berechnen.

- ▶ Grund für Zerlegung:
  - ▶ Lösungen von BLUP-Zuchtwertschätzung brauchen Inverse  $A^{-1}$
  - ▶ Einfachere Invertierung der Faktoren als direkt

## Zerlegung der der Zuchtwerte

- ▶ Zerlegung des Zuchtwertes  $a_i$  von Tier  $i$  mit Eltern  $s$  und  $d$

$$a_i = \frac{1}{2} a_s + \frac{1}{2} a_d + m_i$$

wobei  $a_s$  und  $a_d$  Zuchtwerte der Eltern  $s$  und  $d$  und  $m_i$  “Mendelian Sampling”-Effekt

- ▶ In Matrix-Vektor-Schreibweise

$$a = P * a + m$$

## Rekursive Zerlegung bis Gründertiere

- ▶ Gründertiere = Tiere ohne bekannte Eltern
- ▶ Zerlegung der Eltern-Zuchtwerte

$$a_s = \frac{1}{2} a_{ss} + \frac{1}{2} a_{sd} + m_s$$

wobei  $a_{ss}$  und  $a_{sd}$  Zuchtwerte der Eltern von  $s$  sind.

- ▶ Analog kann der Zuchtwert für  $a_d$  zerlegt werden.

$$a_d = \frac{1}{2} a_{ds} + \frac{1}{2} a_{dd} + m_d$$

- ▶ Einsetzen in Zerlegung von  $a_i$

$$a_i = \frac{1}{4} a_{ss} + \frac{1}{4} a_{sd} + \frac{1}{4} a_{ds} + \frac{1}{4} a_{dd} + \frac{1}{2} m_s + \frac{1}{2} m_d + m_i$$

## Rekursive Zerlegung Endergebnis

$$a = L * m$$

wobei  $L$  eine rechte untere Dreiecksmatrix mit Einsen auf der Diagonalen.

- ▶ Die Offdiagonalelemente zeigen für jedes Tier den Pfad zu den verwandten Gründertieren der Population
- ▶ Tier  $i$  Nachkomme von  $s$  und  $d$ , Offdiagonalelemente der  $i$ -ten Zeile als Mittelwert zwischen Zeilen  $s$  und  $d$  berechnen.

## Zerlegung der Varianz der Zuchtwerte

- ▶ Zerlegung der Varianz  $var(a_i)$  des Zuchtwertes  $a_i$

$$var(a_i) = \frac{1}{4} var(a_s) + \frac{1}{4} var(a_d) + \frac{1}{2} cov(a_s, a_d) + var(m_i)$$

wobei

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

$$var(a_s) = (1 + F_s)\sigma_a^2$$

$$var(a_d) = (1 + F_d)\sigma_a^2$$

$$cov(a_s, a_d) = a_{sd}\sigma_a^2 = 2F_i\sigma_a^2$$

## Varianz der Mendelian Sampling Effekte

- ▶ Beide Eltern bekannt

$$\text{var}(m_i) = \left[ \frac{1}{2} - \frac{1}{4} (F_s + F_d) \right] \sigma_a^2$$

- ▶ Ein Elternteil bekannt

$$\text{var}(m_i) = \left[ \frac{3}{4} - \frac{1}{4} F_d \right] \sigma_a^2$$

- ▶ unbekannte Eltern

$$\text{var}(m_i) = \sigma_a^2$$

## Covarianz-Matrix der Zuchtwerte

- ▶ Covarianz-Matrix  $var(a)$  der Zuchtwerte mit Gleichung  $a = L * m$ :

$$var(a) = var(L * m) = L * var(m) * L^T$$

wobei  $var(m)$  die Covarianz-Matrix der  $m$ -Effekte ist

- ▶ Da  $m_i$  unabhängig voneinander ist  $var(m)$  eine Diagonalmatrix
- ▶ Alle  $var(m_i)$  (siehe vorherige Folie) von  $\sigma_a^2$  abhängig

$$var(m) = D * \sigma_a^2$$

$$var(a) = L * D * L^T * \sigma_a^2 = A * \sigma_a^2$$

$$A = L * D * L^T$$

## Inverse von $A$

- ▶ Mit Matrix Algebra

$$A^{-1} = (L * D * L^T)^{-1} = (L^{-1})^T * D^{-1} * L^{-1}$$

- ▶  $D^{-1}$ : Diagonalmatrix mit Elementen  $1/\text{var}(m_i)$
- ▶  $L^{-1}$ :  $a = L * m$  und  $a = P * a + m$  beide nach  $m$  auflösen und gleichsetzen

$$m = L^{-1} * a$$

$$m = (I - P) * a$$

$$L^{-1} = I - P$$