

Züchtungslehre - Lösung 5

Peter von Rohr

2017-11-03

Aufgabe 1: Pedigree (Prüfungsaufgabe HS2015)

Gegeben ist folgendes Pedigree

```
##  sire  dam
##  1 <NA> <NA>
##  2 <NA> <NA>
##  3    1    2
##  4    1    2
##  5    3    4
```

- a) Stellen Sie die additive genetische Verwandtschaftsmatrix für das oben dargestellte Pedigree auf.

Lösung

$$A = \begin{bmatrix} 1.0000 & 0.0000 & 0.5000 & 0.5000 & 0.5000 \\ 0.0000 & 1.0000 & 0.5000 & 0.5000 & 0.5000 \\ 0.5000 & 0.5000 & 1.0000 & 0.5000 & 0.7500 \\ 0.5000 & 0.5000 & 0.5000 & 1.0000 & 0.7500 \\ 0.5000 & 0.5000 & 0.7500 & 0.7500 & 1.2500 \end{bmatrix}$$

- b) Welches der fünf Tiere im gezeigten Pedigree ist ingezüchtet und wie gross ist der Inzuchtkoeffizient F_X ? (Bitte auch für nicht ingezüchtete Tiere den Inzuchtkoeffizienten angeben)

Lösung

Tier ID	Ingezüchtet (ja/nein)	Inzuchtkoeffizient
1	nein	0.00
2	nein	0.00
3	nein	0.00
4	nein	0.00
5	ja	0.25

- c) Wir interessieren uns speziell für Tier 5. Welche Elemente der additiv genetischen Verwandtschaftsmatrix enthalten den Inzuchtkoeffizienten von Tier 5. Am besten geben Sie die Elemente der Matrix über die jeweiligen Zeilen- und Kolonnennummern an.

Lösung

(5,5), (3,4), (4,3)

Aufgabe 2: R-Package pedigreemm

Das R-Package `pedigreemm` enthält ein paar Funktionalitäten zu Berechnungen mit Pedigrees. Wie alle R-packages, welche nicht mit der Grundversion von R mitkommen muss `pedigreemm` mit dem Befehl

installiert werden. Im Package `pedigreemm` gibt es die Funktion `getA()`, welche als Argument ein Objekt vom Typ `pedigree` übernimmt und daraus die Verwandtschaftsmatrix A berechnet. Ein `pedigree`-Objekt wird mit der Funktion `pedigree()` erstellt. Die Funktion `pedigree()` braucht drei Vektoren als Argumente. Es sind dies die Vektoren

1. **sire**: gibt die Väter der Tiere an
2. **dam**: gibt die Mütter der Tiere an
3. **label**: gibt die TierIds an

Auf der Hilfeseite von der Funktion `pedigree` welche mit `?pedigree` aufgerufen wird, ist ganz am Schluss ein Beispiel angegeben, wie ein Pedigree in ein `pedigree`-Objekt eingelesen wird.

Ihre Aufgabe: Überprüfen Sie die in Aufgabe 1 berechnete Verwandtschaftsmatrix A mit der Funktion `getA()`.

Lösung

```
### # Anzahl Tiere in einer Variablen ablegen
nNrAni <- 5
### # Pedigree aufstellen
ped <- pedigree(sire = c(NA,NA,1,1,3), dam = c(NA,NA,2,2,4), label = 1:nNrAni)
### # Verwandtschaftsmatrix berechnen
getA(ped = ped)

## 5 x 5 sparse Matrix of class "dsCMatrix"
##      1  2  3  4  5
## 1 1.0 .   0.50 0.50 0.50
## 2 .   1.0 0.50 0.50 0.50
## 3 0.5 0.5 1.00 0.50 0.75
## 4 0.5 0.5 0.50 1.00 0.75
## 5 0.5 0.5 0.75 0.75 1.25
```

Aufgabe 3: Heatmap

Die sogenannte **Heatmap** kann als graphische Darstellung einer Verwandtschaftsmatrix verwendet werden. Die R-Statements sind in den Unterlagen beschrieben. Die Funktionen zur Erzeugung einer **Heatmap** sind im R-package `lattice` enthalten. Diese sollte schon mit der Basisversion von R dabei sein.

Versuchen Sie die Verwandtschaftsmatrix aus Aufgabe 1 als **Heatmap** darzustellen.

Hinweis: Falls Sie die Verwandtschaftsmatrix mit der Funktion `getA()` aus Package `pedigreemm` erzeugen, dann müssen Sie das Resultat aus `getA()` mit der Funktion `as.matrix()` in eine Matrix verwandeln.

Lösung

```
nNrAni <- 5
ped <- pedigree(sire = c(NA,NA,1,1,3), dam = c(NA,NA,2,2,4), label = 1:nNrAni)
matA <- as.matrix(getA(ped = ped))
library(lattice)
new.palette=colorRampPalette(c("black","red","yellow","white"),space="rgb")
levelplot(matA[1:ncol(matA),ncol(matA):1],col.regions=new.palette(20))
```

