

Züchtungslehre - Lösung 6

Peter von Rohr

2016-11-11

Aufgabe 1: LDL-Zerlegung der Verwandtschaftsmatrix

Gegeben ist das folgende Pedigree

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

- Stellen Sie die Verwandtschaftsmatrix A auf
- Ermitteln Sie die LDL-Zerlegung von A
- Berechnen Sie die Inverse der Verwandtschaftsmatrix

Hinweise:

- Für Pedigrees ohne Inzucht, können die Diagonalelemente d_{ii} nur drei verschiedene Werte annehmen. Diese sind entweder 1, falls das Tier ein Foundertier ist ohne bekannte Eltern, $3/4$ falls ein Elternteil bekannt ist, oder $1/2$ falls beide Eltern bekannt sind.
- Ohne Berücksichtigung der Inzucht kann die Inverse A^{-1} einfach aufgrund folgender Regeln aufgestellt werden.
 - Initialisiere alle Elemente der Matrix A^{-1} mit 0
 - Für Tier i mit Eltern s und d ,
 - * addiere α_i zum Element (i, i) ,
 - * addiere $-\alpha_i/2$ zu den Elementen (s, i) , (i, s) , (d, i) und (i, d) und
 - * addiere $\alpha_i/4$ zu den Elementen (s, s) , (s, d) , (d, s) und (d, d)
 - Für Tier i mit bekanntem Elternteil d ,
 - * addiere α_i zum Element (i, i) ,
 - * addiere $-\alpha_i/2$ zu den Elementen (d, i) und (i, d) und
 - * addiere $\alpha_i/4$ zu den Elementen (d, d)
 - Für Tier i mit unbekannten Eltern
 - * addiere α_i zum Element (i, i)

wobei α_i das i -te Element auf der Diagonalen von D ist.

Lösung:

- Die Verwandtschaftsmatrix

$$A = \begin{bmatrix} 1.0000 & 0.0000 & 0.5000 & 0.5000 & 0.2500 \\ 0.0000 & 1.0000 & 0.5000 & 0.0000 & 0.5000 \\ 0.5000 & 0.5000 & 1.0000 & 0.2500 & 0.3750 \\ 0.5000 & 0.0000 & 0.2500 & 1.0000 & 0.5000 \\ 0.2500 & 0.5000 & 0.3750 & 0.5000 & 1.0000 \end{bmatrix}$$

- b) Die LDL-Zerlegung von A : Da es im Pedigree keine ingezüchteten Tiere gibt, ist die Matrix D einfach zu bestimmen als.

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

Die Diagonalelemente sind 1 für Foundertiere, 3/4 für Tiere mit einem bekannten Elternteil und 1/2 für Tiere mit bekannten Eltern.

Die Matrix L ist eine linke untere Dreiecksmatrix, wobei Zeile i dem Mittelwert der Zeilen s und d entsprechen, angenommen, dass die Tiere s und d die Eltern von Tier i sind.

$$L = \begin{bmatrix} 1.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & 1.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 0.5000 & 0.5000 & 1.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 0.5000 & 0.0000 & 0.0000 & 1.0000 & 0.0000 \\ 0.2500 & 0.5000 & 0.0000 & 0.5000 & 1.0000 \end{bmatrix}$$

Daraus finden wir

$$D^{-1} = \begin{bmatrix} 1.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & 1.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & 0.0000 & 2.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 1.3333 & 0.0000 \\ 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 2.0000 \end{bmatrix}$$

und

$$L^{-1} = \begin{bmatrix} 1.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & 1.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ -0.5000 & -0.5000 & 1.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ -0.5000 & 0.0000 & 0.0000 & 1.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & -0.5000 & 0.0000 & -0.5000 & 1.0000 \end{bmatrix}$$

Multiplizieren wir die Inversen, dann folgt

$$A^{-1} = (L^{-1})^T * D^{-1} * L^{-1} = \begin{bmatrix} 1.8333 & 0.5000 & -1.0000 & -0.6667 & 0.0000 \\ 0.5000 & 2.0000 & -1.0000 & 0.5000 & -1.0000 \\ -1.0000 & -1.0000 & 2.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ -0.6667 & 0.5000 & 0.0000 & 1.8333 & -1.0000 \\ 0.0000 & -1.0000 & 0.0000 & -1.0000 & 2.0000 \end{bmatrix}$$

Aufgabe 2: Zuchtwert aufgrund Nachkommenleistung

Stier Elvis hat 10 Nachkommen. Von diesen Nachkommen wurden der tägliche Zuwachs (in kg) bis zum Absetzen aufgezeichnet. Das Merkmal hat ein Populationsmittel von 1 kg pro Tag. Die Heritabilität h^2 beträgt 0.35 und die phänotypische Standardabweichung σ_y ist 1.1 kg pro Tag.

Tier	Zuwachs
1	1.08
2	1.18
3	1.72
4	1.27
5	1.29
6	1.76
7	1.39
8	0.87
9	1.04
10	1.12

- Schätzen Sie den Zuchtwert von Elvis für das Merkmal tägliche Zunahme bis zum Absetzen aufgrund der Nachkommenleistung
- Wie gross ist das Bestimmtheitsmass des unter a) geschätzten Zuchtwertes
- Berechnen Sie aufgrund der Standardabweichung des geschätzten Zuchtwertes die Wahrscheinlichkeit, dass der Zuchtwert von Elvis grösser oder gleich +1.16 kg pro Tag ist.

Lösung:

- a) Der geschätzte Zuchtwert für Elvis beträgt

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

wobei n : Anzahl Beobachtungen, \tilde{y} der Nachkommendurchschnitt, μ das Populationsmittel und $k = \frac{4-h^2}{h^2}$. Setzen wir diese Werte ein, dann folgt

$$\hat{a} = \frac{2 * 10}{10 + 10.4285714}(1.272 - 1) = 0.27$$

- b) Das Bestimmtheitsmass für den Zuchtwert von Elvis ist

$$B = r_{a,\tilde{y}}^2 = \frac{n}{n+k} = \frac{10}{10 + 10.4285714} = 0.49$$

- c) Für die Standardabweichung des geschätzten Zuchtwertes, berechnen wir zuerst die Varianz $var(\hat{a})$ und ziehen dann die Wurzel.

$$\begin{aligned}
 \sqrt{var(\hat{a})} &= \sqrt{var(b * (\tilde{y} - \mu))} \\
 &= b * \sqrt{var(\tilde{y})} \\
 &= \frac{2n}{n+k} \sqrt{\left(\frac{1}{4}h^2 + \left(1 - \frac{1}{4}h^2\right)/n\right)\sigma_y^2} \\
 &= \frac{2 * 10}{10 + 10.4285714} * \sqrt{\frac{1}{4} * 0.35 + \left(1 - \frac{1}{4} * 0.35\right)/10 * 1.1} \\
 &= 0.455
 \end{aligned}$$

Da $1.16 \approx 0.27 + 1.96 * 0.455$ ist, folgt, dass die Wahrscheinlichkeit rund 0.025 oder 2.5% beträgt.

Aufgabe 3: Bedingungen und Schleifen (Loops) in R

Schleifen (Loops) erlauben es uns gewissen Statements wiederholt ausführen zu lassen. Will man als Beispiel alle natürlichen Zahlen zwischen 1 und 10 ausgeben, dann kann das mit folgendem Loop gemacht werden.

```
nLowerLimit <- 1
nUpperLimit <- 10
for (nIdx in (nLowerLimit:nUpperLimit)){
  cat(nIdx, "\n")
}
```

```
## 1
## 2
## 3
## 4
## 5
## 6
## 7
## 8
## 9
## 10
```

Die sogenannten if-Bedingungen können verwendet werden um den Programmablauf zu steuern. Sollen zum Beispiel in der Schleife, welche oben gezeigt wurde, nur die geraden Zahlen ausgegeben werden kann das mit der folgenden Bedingung machen.

```
nLowerLimit <- 1
nUpperLimit <- 10
for (nIdx in (nLowerLimit:nUpperLimit)){
  if (identical(nIdx %% 2, 0)) {
    cat(nIdx, " ist gerade\n")
  }
}
```

```
## 2 ist gerade
## 4 ist gerade
## 6 ist gerade
## 8 ist gerade
## 10 ist gerade
```

Ihre Aufgabe

Finden Sie in folgendem Pedigree alle Tiere, die keine Mutter haben. Verwenden Sie dazu einen Loop über alle Tiere und testen Sie mit einer `if`-Bedingung, ob die Mutter bekannt ist.

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

Hinweise: - Am einfachsten beginnen Sie, indem Sie das Pedigree mit folgendem Statement der Variablen `ped` zuweisen.

```
library(pedigreeemm)
nNrAni <- 5
ped <- pedigree(sire = c(NA,NA,1,1,4), dam = c(NA,NA,2,NA,2), label = as.character(1:nNrAni))
```

- In unseren Pedigrees werden die unbekannten Eltern mit `NA` kodiert. Verwenden Sie die Funktion `is.na()` für die Überprüfung, ob die Mutter bekannt ist.
- Angenommen, sie weisen das Pedigree der Variablen `ped` zu, dann finden sie die Anzahl Tiere im Pedigree mit dem Ausdruck `length(ped@label)`
- Die Mutter des Tieres i bekommen Sie mit dem Ausdruck `ped@dam[i]`

Lösung:

```
suppressPackageStartupMessages(require(pedigreeemm))
nNrAni <- 5
ped <- pedigree(sire = c(NA,NA,1,1,4), dam = c(NA,NA,2,NA,2), label = as.character(1:nNrAni))

for (idx in 1:length(ped@label)){
  if (is.na(ped@dam[idx])) {
    cat("Tier ", idx, " hat eine unbekannte Mutter\n")
  }
}
```

```
## Tier 1 hat eine unbekannte Mutter
## Tier 2 hat eine unbekannte Mutter
## Tier 4 hat eine unbekannte Mutter
```