

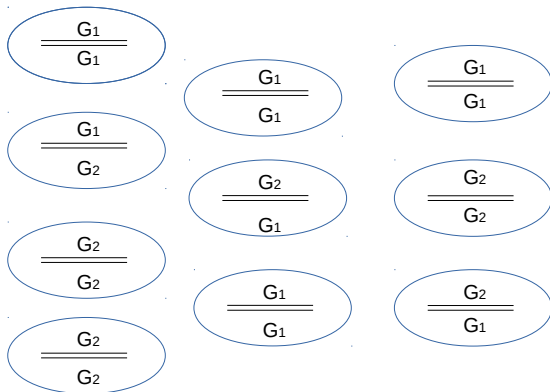
Züchtungslehre - Quantitative Genetik

Peter von Rohr

30 September 2016

Gene und Genotypen

Population (N = 10)



Frequenzen

► Genotypen

$$f(G_1 G_1) = \frac{4}{10} = 0.4$$

$$f(G_1 G_2) = \frac{3}{10} = 0.3$$

$$f(G_2 G_2) = \frac{3}{10} = 0.3$$

► Allele

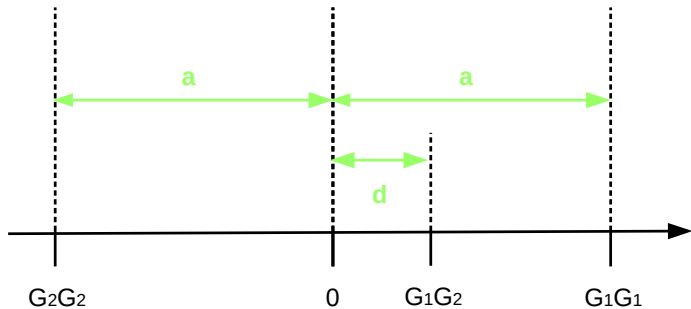
$$f(G_1) = f(G_1 G_1) + 1/2 f(G_1 G_2) = 0.4 + 0.15 = 0.55$$

$$f(G_2) = f(G_2 G_2) + 1/2 f(G_1 G_2) = 0.3 + 0.15 = 0.45$$

Begriffe

- ▶ **Phänotyp:** messbare oder beobachtbare Eigenschaft oder Leistung eines Tieres (Milchleistung, Zuwachs, Körpergrösse, usw)
- ▶ **Genom:** totale genetische Information eines Individuums
- ▶ **Genort:** (auch **Locus**) definierte Position auf dem Genom
- ▶ **Genotyp:** bestimmte Kombination von Genvarianten an einem Locus
- ▶ **Allel:** mögliche Genvariante an einem Locus
- ▶ **homozygot:** Allele an Locus sind gleich ($G_1 G_1$)
- ▶ **heterozygot:** Allele an Locus sind verschieden ($G_1 G_2$)

Genotypische Werte



Zusammenfassung Genotypische Werte

Genotyp	genotypischer Wert
$G_1 G_1$	$V_{11} = a$
$G_1 G_2$	$V_{12} = d$
$G_2 G_2$	$V_{22} = -a$

Populationsmittel als Erwartungswert

► Definition

$$\mu = E[V] = f(G_1 G_1) * V_{11} + f(G_1 G_2) * V_{12} + f(G_2 G_2) * V_{22}$$

► Frequenzen

Genotyp	Frequenzen
$G_1 G_1$	$p * p = p^2$
$G_1 G_2$	$p * q + q * p = 2pq$
$G_2 G_2$	$q * q = q^2$

► Kombiniert

$$\begin{aligned}\mu &= p^2 * a + 2pq * d - q^2 * a \\ &= (p^2 - q^2)a + 2pqd \\ &= (p + q)(p - q)a + 2pqd \\ &= (p - q)a + 2pqd\end{aligned}$$

Zuchtwert - Definition

Der **Zuchtwert** eines bestimmten Tieres i ist definiert als die doppelte Abweichung des erwarteten Mittelwertes der Nachkommen von Tier i vom Populationsmittel.

Zuchtwert - Herleitung

- ▶ Mutter mit Genotyp $G_1 G_1$
- ▶ zufällige Anpaarung an Väter aus Population
- ▶ Frequenzen der Nachkommen

	Vater	
	$f(G_1) = p$	$f(G_2) = q$
Mutter		
$f(G_1) = 1$	$f(G_1 G_1) = p$	$f(G_1 G_2) = q$

Zuchtwert - Berechnung

$$\begin{aligned}ZW_{11} &= 2 * (\mu_{11} - \mu) \\&= 2(pa + qd - [(p - q)a + 2pqd]) \\&= 2(pa + qd - (p - q)a - 2pqd) \\&= 2(qd + qa - 2pqd) \\&= 2(qa + qd(1 - 2p)) \\&= 2q(a + d(1 - 2p)) \\&= 2q(a + (q - p)d)\end{aligned}$$

Zuchtwert - Zusammenfassung

Genotyp	Zuchtwert
$G_1 G_1$	$2q\alpha$
$G_1 G_2$	$(q - p)\alpha$
$G_2 G_2$	$-2p\alpha$

wobei:

$$\alpha = a + (q - p)d$$

Allelsubstitution

$$\begin{aligned}ZW_{12} - ZW_{22} &= (q - p)\alpha - (-2p\alpha) \\&= (q - p)\alpha + 2p\alpha \\&= (q - p + 2p)\alpha \\&= (q + p)\alpha \\&= \alpha\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}ZW_{11} - ZW_{12} &= 2q\alpha - (q - p)\alpha \\&= (2q - (q - p))\alpha \\&= \alpha\end{aligned}$$

Dominanzabweichung

$$\begin{aligned}V_{11} - ZW_{11} &= a - 2q\alpha \\&= a - 2q[a + (q - p)d] \\&= a - 2qa - 2q(q - p)d \\&= a(1 - 2q) - 2q^2d + 2pqd \\&= [(p - q)a + 2pqd] - 2q^2d \\&= \mu + D_{11}\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}V_{12} - ZW_{12} &= d - (q - p)\alpha \\&= d - (q - p)[a + (q - p)d] \\&= [(p - q)a + 2pqd] + 2pqd \\&= \mu + D_{12}\end{aligned}$$

Dominanzabweichung II

$$\begin{aligned}V_{22} - ZW_{22} &= -a - (-2p\alpha) & (1) \\&= -a + 2p[a + (q - p)d] \\&= [(p - q)a + 2pqd] - 2p^2d \\&= \mu + D_{22}\end{aligned}$$

→ Allgemeine Zerlegung

$$V_{ij} = \mu + ZW_{ij} + D_{ij}$$

Zusammenfassung

Genotyp	genotypischer Wert	Zuchtwert	Dominanzabweichung
$G_i G_j$	V_{ij}	ZW_{ij}	D_{ij}
$G_1 G_1$	a	$2q\alpha$	$-2q^2d$
$G_1 G_2$	d	$(q - p)\alpha$	$2pqd$
$G_2 G_2$	$-a$	$-2p\alpha$	$-2p^2d$

Varianz

- Allgemeine Definition der Varianz

$$\begin{aligned}\sigma_G^2 = \text{Var}[V] &= (V_{11} - \mu)^2 * f(G_1 G_1) \\ &+ (V_{12} - \mu)^2 * f(G_1 G_2) \\ &+ (V_{22} - \mu)^2 * f(G_2 G_2)\end{aligned}$$

- Frequenzen eingesetzt und $V_{ij}\mu = ZW_{ij} + D_{ij}$

$$\begin{aligned}\sigma_G^2 &= (ZW_{11} + D_{11})^2 * p^2 \\ &+ (ZW_{12} + D_{12})^2 * 2pq \\ &+ (ZW_{22} + D_{22})^2 * q^2\end{aligned}$$

Varianz - Resultat

- ▶ Herleitung in Anhang

$$\begin{aligned}\sigma_G^2 &= 2pq\alpha^2 + (2pqd)^2 \\ &= \sigma_A^2 + \sigma_D^2\end{aligned}$$

wobei:

- ▶ σ_A^2 : genetisch additive Varianz
- ▶ σ_D^2 : Dominanzvarianz

Erweiterung auf mehrere Genorte

- ▶ Abhängigkeit zwischen Genorten:
 $f(A_1A_1B_1B_1) \neq f(A_1A_1) * f(B_1B_1)$
- ▶ Interaktionen

$$\begin{aligned}g + \mu &= V_{ij}^{(A)} + V_{kl}^{(B)} + I_{ijkl}^{(A) \cdot (B)} \\&= \mu^{(A)} ZW_{ij}^{(A)} + D_{ij}^{(A)} + \mu^{(B)} + ZW_{kl}^{(B)} + D_{kl}^{(B)} + I_{ijkl}^{(A) \cdot (B)}\end{aligned}$$

Polygenes Modell

- ▶ unendlich viele Genorte
- ▶ Modellierung des genotypischen Wertes als

$$g = a + d + i$$

- ▶ Zuchtwert als additiv genetischer Teil a : als normalverteilte Zufallsvariable
- ▶ Dominanzabweichung d : häufig ignoriert
- ▶ Epistasie i : häufig ignoriert

Phänotypische Beobachtung

- ▶ Genotypische Werte nicht beobachtbar → Verwendung von phänotypischen Messungen
- ▶ Modell

$$y = \mu + g + e$$

- ▶ Varianz

$$\text{Var}[y] = \sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2 + 2\text{Cov}[g, e]$$

- ▶ Ohne Genotyp-Umwelt Interaktion

$$\text{Var}[y] = \sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2$$