

Peter von Rohr
Institute of Agricultural Sciences
D-USYS
ETH Zurich

751-7602-00 V
Exam in
Livestock Breeding
and Genomics
Fall Semester 2024

Date: 2024-12-20

Name:

Legi-Nr:

| Problem | Maximum Number of Points | Number of Points Reached |
|---------|--------------------------|--------------------------|
| 1 | 26 | |
| 2 | 18 | |
| 3 | 21 | |
| 4 | 42 | |
| 5 | 50 | |
| Total | 157 | |

Questions in German are in italics

Problem 1: One Locus Model

Given are two datasets from a one-locus-model of two different populations showing genotypes and response values of a quantitative trait.

Gegeben sind zwei Datensätze eines Ein-Lokus-Modells für zwei verschiedene Populationen. Der Datensatz umfasst Genotypen und Werte als Zielgrösse eines quantitativen Merkmals.

Table 1: Population A

| Animal | Genotype | Response |
|--------|----------|----------|
| 1 | 1 | 3.79 |
| 2 | 1 | -15.22 |
| 3 | 2 | 93.09 |
| 4 | 2 | 62.72 |
| 5 | 0 | -85.43 |
| 6 | 1 | -6.23 |
| 7 | 1 | 18.68 |
| 8 | 0 | -72.51 |
| 9 | 1 | -7.62 |
| 10 | 2 | 85.32 |
| 11 | 1 | -1.63 |
| 12 | 1 | 17.04 |
| 13 | 0 | -82.63 |
| 14 | 1 | -7.51 |
| 15 | 1 | 17.96 |
| 16 | 0 | -52.86 |
| 17 | 0 | -65.37 |
| 18 | 0 | -74.57 |
| 19 | 0 | -55.05 |
| 20 | 1 | 13.68 |
| 21 | 0 | -58.26 |
| 22 | 0 | -56.12 |
| 23 | 0 | -57.68 |
| 24 | 1 | 10.32 |
| 25 | 2 | 51.21 |
| 26 | 0 | -69.20 |
| 27 | 0 | -108.64 |
| 28 | 2 | 74.17 |
| 29 | 0 | -50.38 |
| 30 | 0 | -69.28 |

Table 2: Population B

| Animal | Genotype | Response |
|--------|----------|----------|
| 1 | 0 | -19.93 |
| 2 | 1 | 54.83 |
| 3 | 0 | -24.48 |
| 4 | 1 | 13.40 |
| 5 | 0 | 3.06 |
| 6 | 1 | 4.42 |
| 7 | 0 | -33.18 |
| 8 | 1 | 20.48 |
| 9 | 0 | -51.38 |
| 10 | 2 | 16.49 |
| 11 | 0 | 10.99 |
| 12 | 1 | 13.13 |
| 13 | 1 | 25.40 |
| 14 | 0 | -7.18 |
| 15 | 1 | 23.62 |
| 16 | 2 | 23.08 |
| 17 | 0 | -50.22 |
| 18 | 1 | 48.13 |
| 19 | 1 | 2.86 |
| 20 | 1 | 8.22 |
| 21 | 1 | 30.31 |
| 22 | 1 | 7.88 |
| 23 | 1 | -8.30 |
| 24 | 1 | 4.89 |
| 25 | 1 | 24.62 |
| 26 | 2 | 22.83 |
| 27 | 0 | -41.49 |
| 28 | 1 | 7.63 |
| 29 | 0 | -28.48 |
| 30 | 0 | 0.61 |

The datasets are available from

https://charlotte-ngs.github.io/lbgfs2024/data/exam_p1_popA.csv

https://charlotte-ngs.github.io/lbgfs2024/data/exam_p1_popB.csv

a) Compute the following quantities for both populations

- Minor-Allele-Frequency (frequency of the less frequent allele)
- Genotypic values a and d
- Breeding values for all animals based on the one-locus model, assuming the Hardy-Weinberg equilibrium for genotype frequencies
- Dominance deviations for all animals, assuming the Hardy-Weinberg equilibrium for genotype frequencies

Berechnen Sie die folgenden Grössen für beide Populationen

- Minor-Allele-Frequency (*Frequenz des selteneren Allels*)
- Genotypische Werte a und d
- Zuchtwerte aller Tiere basierend auf dem Ein-Lokus-Modell, wobei das Hardy-Weinberg Gleichgewicht für die Genotypenfrequenzen angenommen wird.
- Dominanzabweichung aller Tiere, wobei das Hardy-Weinberg Gleichgewicht für die Genotypenfrequenzen angenommen wird.

18

Solution

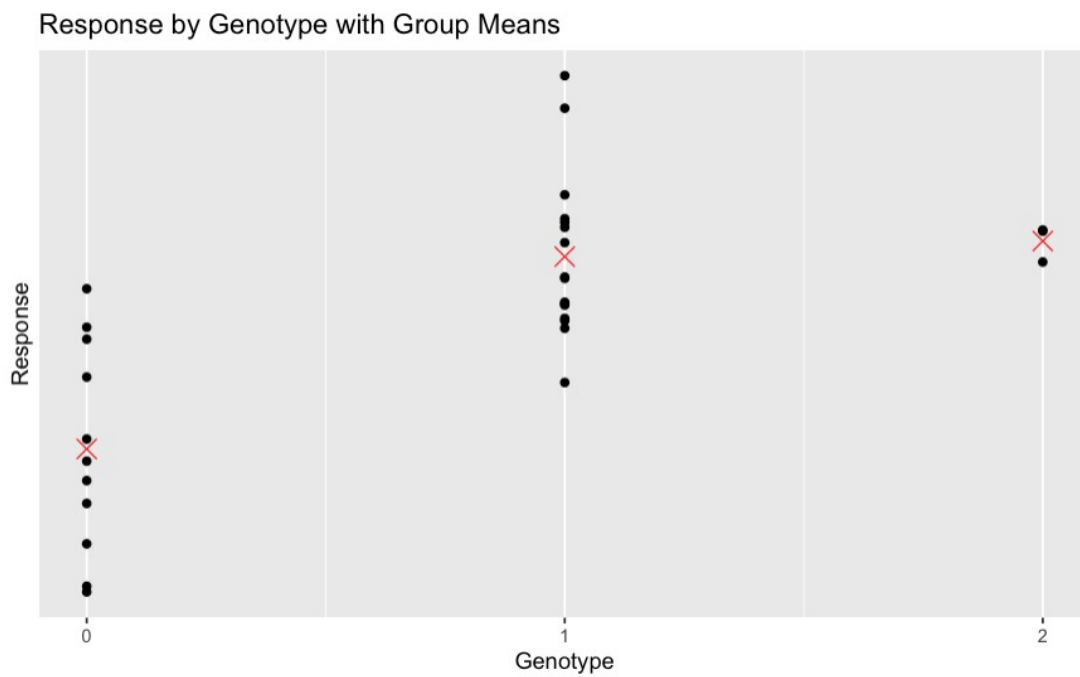
b) Which of the following plots belongs to which population? Insert the genotypic values a and d into the plots.

Welcher der folgenden Plots gehört zu welcher Population? Tragen Sie die genotypischen Werte a und d in die Plots ein.

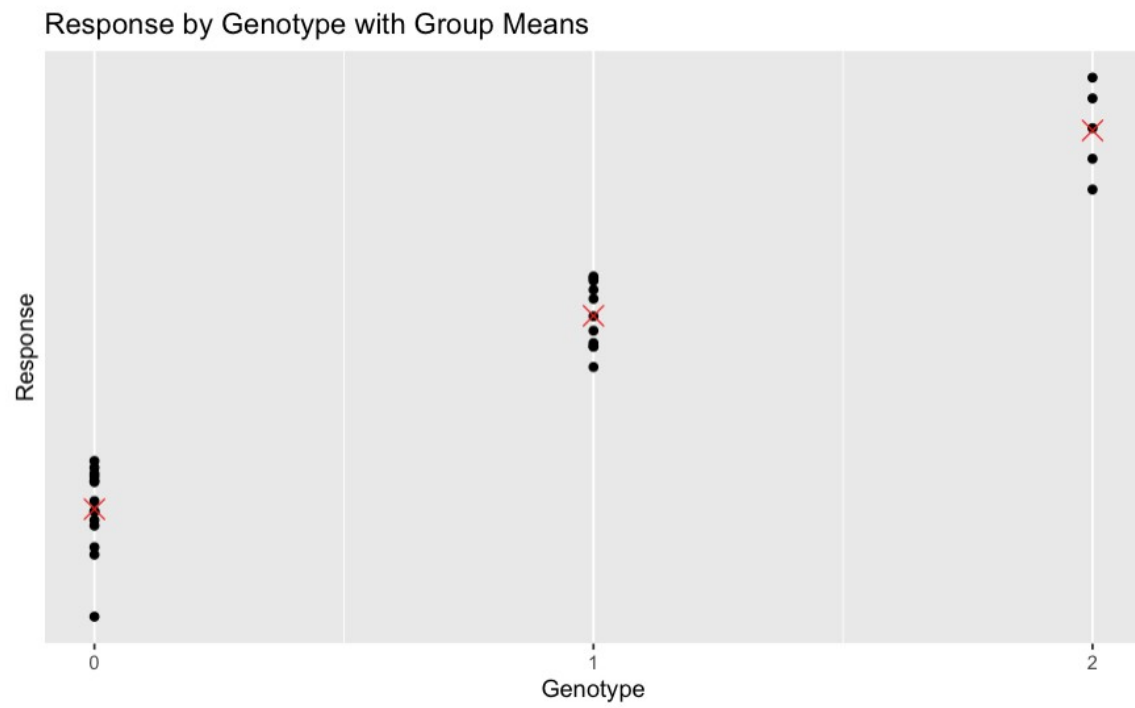
6

Solution

Population:



Population:



- c) When using the marker effect model to predict genomic breeding values, it is assumed that alleles have a purely additive effect on the response variable. For which the above shown population (A or B) is this assumption better met?

Bei der Verwendung eines Markereffektsmodells bei der Schätzung von genomischen Zuchtwerten wird angenommen, dass die Allele einen rein additiven Effekt auf die Zielgrösse haben. Für welche der beiden Populationen (A oder B) ist diese Annahme besser erfüllt?

2

Solution

Problem 2: Numerator Relationship Matrix

Given is the following pedigree.

Gegeben ist der Folgende Stammbaum

| Animal | Sire | Dam |
|--------|------|-----|
| 4 | 2 | 1 |
| 5 | 2 | 1 |
| 6 | 2 | 3 |
| 7 | 2 | 3 |
| 8 | 2 | 3 |
| 9 | 5 | 6 |
| 10 | 7 | 4 |
| 11 | 7 | 9 |
| 12 | 8 | 11 |

The pedigree is available from

https://charlotte-ngs.github.io/lbgfs2024/data/exam_pedigree_p2.csv

- a) Compute the additive numerator relationship matrix A for the above given pedigree.

Berechnen Sie die additiv genetische Verwandtschaftsmatrix A auf für den oben gegebenen Stammbaum.

6

Solution

- b) Given is the following inverse numerator relationship matrix A^{-1} . Determine which animals are founders and which animal have which parents based on the given matrix. Write down the parent-offspring relationship in tabular form and add the missing animal IDs to the graphical representation of the pedigree shown below.

Gegeben ist die folgende Inverse A^{-1} einer additive genetischen Verwandtschaftsmatrix. Bestimmen Sie den zu dieser Matrix welche Tiere Gründertiere sind und welche Tiere welche Eltern haben. Schreiben Sie die Eltern-Nachkommen-Beziehungen in Tabellenform auf und tragen Sie die fehlenden Tier-IDs in die grafische Repräsentation des Stammbaums ein.

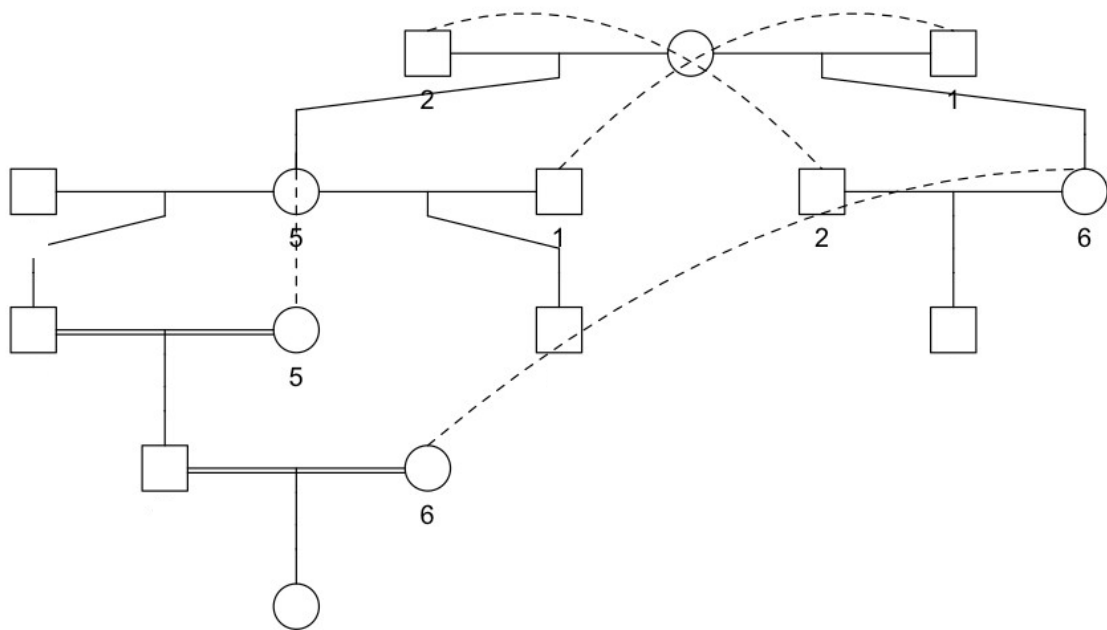
12

$$A^{-1} = \begin{bmatrix} 2 & 0 & 0.5 & 0 & 0.5 & -1 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 2 & 0.5 & 0 & -1 & 0.5 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \\ 0.5 & 0.5 & 2 & 0 & -1 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1.5 & 0.5 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0.5 & -1 & -1 & 0.5 & 3.5 & 0 & -0.5 & -1 & 0 & -1 & 0 \\ -1 & 0.5 & -1 & 0 & 0 & 3.071429 & 0 & 0 & -1 & 0.571429 & -1.142857 \\ 0 & 0 & 0 & -1 & -0.5 & 0 & 2.5 & 0 & 0 & -1 & 0 \\ -1 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & 2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0.571429 & -1 & 0 & 0 & 2.571429 & -1.142857 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1.142857 & 0 & 0 & 0 & -1.142857 & 2.285714 \end{bmatrix}$$

The matrix is available from

https://charlotte-ngs.github.io/lbgfs2024/data/exam_inv_num_rel_mat_p2.csv

Solution



Problem 3: Inbreeding

Given is the pedigree shown below.

Gegeben sei der nachfolgende Stammbaum.

| Animal | Sire | Dam |
|--------|------|-----|
| 4 | 2 | 1 |
| 5 | 2 | 1 |
| 6 | 2 | 1 |
| 7 | 2 | 3 |
| 8 | 2 | 4 |
| 9 | 7 | 8 |
| 10 | 9 | 6 |

The pedigree is available from

https://charlotte-ngs.github.io/lbgfs2024/data/exam_pedigree_p3.csv

- a) Compute inbreeding coefficients for all animals in the above shown pedigree. Use the results to fill out the following table. Indicate in the second column whether a given animal is inbred or not. Use the third column of the table to list the inbreeding coefficients of all animals.

Berechnen Sie die Inzuchtkoeffizienten für alle Tiere im oben gezeigten Stammbaum. Verwenden Sie die nachfolgende Tabelle für die Resultate. In der zweiten Kolonne können Sie angeben, ob ein bestimmtes Tier ingezüchtet ist oder nicht. In der dritten Kolonnen tragen Sie die Inzuchtkoeffizienten aller Tiere ein.

5

Solution

| Animal | Inbred | Inbreeding Coefficient |
|--------|--------|------------------------|
| 1 | | |
| 2 | | |
| 3 | | |
| 4 | | |
| 5 | | |
| 6 | | |
| 7 | | |
| 8 | | |
| 9 | | |
| 10 | | |

Solution

- b) For each of the sires (2, 7, 9) shown in the above pedigree, find those mates among all dams shown in the pedigree (1, 3, 4, 6, 8) such that the potential offspring has an inbreeding coefficient smaller than 0.25.

Finde für jeden Vater (2, 7, 9) im oben gezeigten Pedigree unter allen Müttern (1, 3, 4, 6, 8) diese Paarungspartnerinnen so dass der Inzuchtkoeffizient der potentiellen Nachkommen unter einem Grenzwert von 0.25 sind.

16

Solution

Problem 4: Genomic Breeding Values

Given is the following dataset with genomic information. Use **Weight** as response variable. The variable **Height** is to be modelled as regression covariate. The sex of an animal is to be treated as fixed effect.

Gegeben ist der folgende Datensatz mit genomischer Information. Verwenden Sie ‘Weight’ als Zielgrösse. Modellieren Sie ‘Height’ als Regressionscovariable und das Geschlecht des Tieres ist als fixer Effekt zu behandeln.

| Animal | Sex | S1 | S2 | S3 | S4 | S5 | S6 | S7 | S8 | S9 | S10 | S11 | S12 | S13 | S14 | S15 | S16 | S17 | Height | Weight |
|--------|-----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--------|--------|
| 1 | 2 | 1 | 2 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 2 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 148 | 411 |
| 2 | 1 | 1 | 0 | 0 | 2 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 2 | 0 | 1 | 143 | 400 |
| 3 | 2 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 2 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 152 | 461 |
| 4 | 1 | 2 | 1 | 0 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 2 | 0 | 0 | 153 | 525 |
| 5 | 2 | 0 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 2 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 139 | 326 |
| 6 | 2 | 2 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 1 | 1 | 1 | 2 | 0 | 1 | 151 | 494 |
| 7 | 1 | 0 | 0 | 0 | 2 | 2 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 2 | 1 | 1 | 1 | 2 | 0 | 2 | 159 | 603 |
| 8 | 2 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 | 1 | 1 | 1 | 2 | 0 | 1 | 147 | 377 |
| 9 | 1 | 2 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 0 | 1 | 2 | 0 | 0 | 153 | 489 |
| 10 | 2 | 1 | 0 | 0 | 2 | 1 | 0 | 0 | 2 | 0 | 2 | 1 | 0 | 2 | 1 | 2 | 0 | 1 | 150 | 475 |
| 11 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 2 | 2 | 2 | 2 | 0 | 1 | 149 | 565 |
| 12 | 2 | 1 | 0 | 0 | 2 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 2 | 1 | 1 | 1 | 1 | 2 | 0 | 0 | 155 | 544 |
| 13 | 1 | 2 | 0 | 0 | 2 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 2 | 2 | 1 | 2 | 0 | 1 | 146 | 515 |

The dataset is available from

https://charlotte-ngs.github.io/lbgfs2024/data/exam_data_p4.csv

- a) Use a marker-effects model to predict genomic breeding values for the response variable ‘Weight’. Use ‘Height’ as regression covariable and ‘Sex’ as fixed effects. Columns S1 to S17 contain marker information which is to be used for the prediction of genomic breeding values. The ratio λ_q is assumed to be 9. Specify the model using a formula and explain all the variables used in the model. Write down expected values and variance-covariance matrices for all random effects. Construct mixed-model equations and obtain solutions for estimated fixed effects and predicted breeding values. Rank all animals according to the predicted genomic breeding values.

Verwenden Sie ein Marker-Effekt Modell zur Schätzung von genomischen Zuchtwerten für die Zielgrösse ‘Weight’. Verwenden Sie ‘Height’ als Regressionscovariable und ‘Sex’ als fixen Effekt. Die Kolonnen S1 bis S17 enthalten SNP-Markerinformationen, welche für die Schätzung der genomischen Zuchtwerte verwendet werden soll. Das Verhältnis λ_q betrage 9. Schreiben Sie die Erwartungswerte und die Varianz-Covarianz-Matrizen für alle zufälligen Effekte auf. Stellen Sie die Mischmodellgleichungen auf und lösen Sie diese, damit Sie Schätzungen für fixe Effekte und Zuchtwerte erhalten. Rangieren Sie die Tiere aufgrund der geschätzten genomischen Zuchtwerte.

Solution

- b) Use a breeding-value based genomic BLUP model to predict genomic breeding values for the response variable ‘Weight’. Use ‘Height’ as regression covariable and ‘Sex’ as fixed effect. Columns S1 to S17 contain marker information which is to be used for the prediction of genomic breeding values. The ratio λ_g is assumed to be 7. Specify the model using a formula and explain all the variables used in the model. Write down expected values and variance-covariance matrices for all random effects. Construct mixed-model equations and obtain solutions for estimated fixed effects and predicted breeding values. Rank all animals according to the predicted genomic breeding values.

Verwenden Sie ein Zuchtwert-basiertes genomisches BLUP Modell für die Schätzung von genomischen Zuchtwerten für die Zielgrösse ‘Weight’. Verwenden Sie ‘Height’ als Regressionscovariable und ‘Sex’ als fixen Effekt. Die Kolonnen S1 bis S17 enthalten SNP-Markerinformationen, welche für die Schätzung der genomischen Zuchtwerte verwendet werden soll. Das Verhältnis λ_g betrage 7. Schreiben Sie die Erwartungswerte und die Varianz-Covarianz-Matrizen für alle zufälligen Effekte auf. Stellen Sie die Mischmodellgleichungen auf und lösen Sie diese, damit Sie Schätzungen für fixe Effekte und Zuchtwerte erhalten. Rangieren Sie die Tiere aufgrund der geschätzten genomischen Zuchtwerte.

22

Solution

Problem 5: Pedigree Based BLUP

Given is the following dataset. The column **Weight** is to be taken as response variable. The sex of an animal shown in column entitled with **Sex** is to be treated as fixed effect. The variable **Height** is to be modeled by a regression.

Im nachfolgenden Datensatz entspricht die Kolonne ‘Weight’ der Zielgrösse. Das Geschlecht der Tiere soll als fixer Effekt behandelt werden. Die Variable ‘Height’ soll als Regression modelliert werden.

| Animal | Sire | Dam | Sex | Height | Weight |
|--------|------|-----|-----|--------|--------|
| 4 | 2 | 1 | 1 | 142 | 416 |
| 5 | 2 | 1 | 2 | 153 | 488 |
| 6 | 2 | 1 | 2 | 154 | 492 |
| 7 | 2 | 3 | 1 | 144 | 437 |
| 8 | 2 | 3 | 2 | 150 | 438 |
| 9 | 4 | 3 | 1 | 155 | 553 |
| 10 | 2 | 5 | 2 | 156 | 494 |
| 11 | 7 | 6 | 1 | 157 | 578 |
| 12 | 9 | 10 | 2 | 153 | 480 |
| 13 | 11 | 12 | 1 | 155 | 528 |

The dataset is available from

https://charlotte-ngs.github.io/lbgfs2024/data/exam_data_p5.csv

- a) Use a sire model to predict breeding values for all sires in the pedigree. Specify the model using a formula and explain all the variables used in the model. Write down expected values and variance-covariance matrices for all random effects. Construct mixed-model equations and obtain solutions for estimated fixed effects and predicted breeding values. The ratio λ_s between residual variance (σ_e^2) and sire variance (σ_s^2) is given as $\lambda_s = 24$. Rank the sires according to their breeding values.

Verwenden Sie ein Vatermodell für die Schätzung der Zuchtwerte aller Väter im Pedigree. Spezifizieren Sie das Modell mit einer Formel und erklären Sie die Bedeutung aller Variablen. Schreiben Sie die Erwartungswerte und die Varianz-Covarianz-Matrizen für alle zufälligen Effekte auf. Stellen Sie die Mischmodellgleichungen auf und lösen Sie diese, damit Sie Schätzungen für fixe Effekte und Zuchtwerte erhalten. Das Verhältnis λ_s zwischen Restvarianz (σ_e^2) und Vätervarianz (σ_s^2) ist gegeben als $\lambda_s = 24$. Rangieren Sie die Väter gemäss ihren geschätzten Zuchtwerten.

23

Solution

- b) Use an animal model to predict breeding values for all animals in the pedigree. Specify the model using a formula and explain all the variables used in the model. Write down expected values and variance-covariance matrices for all random effects. Construct mixed-model equations and obtain solutions for estimated fixed effects and predicted breeding values. The heritability of the trait ‘Weight’ is assumed to be $h^2 = 0.16$. Rank all animals according to their breeding values.

Verwenden Sie ein Tiermodell für die Schätzung der Zuchtwerte aller Tiere im Pedigree. Spezifizieren Sie das Modell mit einer Formel und erklären Sie die Bedeutung aller Variablen. Schreiben Sie die Erwartungswerte und die Varianz-Covarianz-Matrizen für alle zufälligen Effekte auf. Stellen Sie die Mischmodellgleichungen auf und lösen Sie diese, damit Sie Schätzungen für fixe Effekte und Zuchtwerte erhalten. Die Erblichkeit des Merkmals ‘Weight’ beträgt $h^2 = 0.16$. Rangieren Sie alle Tiere im Pedigree gemäss den geschätzten Zuchtwerten.

23

Solution

- c) Compute reliabilities (B) of predicted breeding values for all animals in the pedigree. The residual variance under the animal model is 299. Rank all animals according to the computed reliabilities.

Berechnen Sie die Bestimmtheitsmasse (B) der geschätzten Zuchtwerte für alle Tiere im Pedigree. Die Restvarianz im Tiermodell ist 299. Rangieren Sie alle Tiere gemäss den berechneten Bestimmtheitsmassen.

4

Solution