Modelowanie danych hodowlanych

1. Wykład wstępny
2. Algebra macierzowa
3. Best Linear Unbiased Prediction (BLUP): model jednocechowy z pojedynczym efektem losowym
4. Best Linear Unbiased Prediction (BLUP): model wielocechowy
5. Metody redukcji wymiarów modeli wielocechowych BLUP
6. Analiza danych powtarzalnych w czasie
7. Predykcja genomowej wartości hodowlanej

8. Model jednostopniowy

9. Estymacja parametrów modelu
10. - 15. Prezentacje zaliczeniowe

1. Ocena dwustopniowa vs ocena jednostopniowa
2. ss SNP-BLUP
3. ss G-BLUP
4. Publikacje - egzamin

Copyright ©2025, Joanna Szyda

Ocena **dwu**stopniowa vs ocena **jedno**stopniowa

Ocena **dwu**stopniowa vs **jedno**stopniowa

- Model *genomowy* ograniczony do zgenotypowanej części populacji
- Nie może zostać rozszerzony na osobniki niezgenotypowane
- Dwie oceny:
  - Osobniki z genotypami → DGV, GEBV
  - Osobniki bez genotypów → EBV
- Model jednostopniowy → wspólna ocena wszystkich osobników

Copyright ©2021, Joanna Szyda

Model oceny – ① osobniki zgenotypowane

- SNP-BLUP

$$\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{Z_q q} + \boldsymbol{Z_a a} + \boldsymbol{e}$$

— $\boldsymbol{y}$ DRP

— $\boldsymbol{\beta}$ efekty stałe

— $\boldsymbol{q}$ efekt SNP

— $\boldsymbol{Z_q}$ $\in\{ -1, 0, 1 \}$

— $\boldsymbol{a}$ resztkowy efekt poligeniczny

— $\boldsymbol{Z_a}$ $\in\{ 0, 1 \}$

— $\boldsymbol{e}$ błąd

- $\boldsymbol{DGV} = \boldsymbol{X\hat{\beta}} + \boldsymbol{Z_q \hat{q}} + \boldsymbol{e}$

Copyright ©2021, Joanna Szyda

Model oceny – ② osobniki niezgenotypowane

- BLUP

$$\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{Za} + \boldsymbol{e}$$

— $\boldsymbol{y}$ wydajności fenotypowe
— $\boldsymbol{\beta}$ efekty stałe
— $\boldsymbol{a}$ wartość hodowlana
— $\boldsymbol{Z}$ $\in\{ 0, 1 \}$
— $\boldsymbol{e}$ błąd

Copyright ©2021, Joanna Szyda

model jednostopniowy

Jednostopniowy model oceny – single step BLUP

- ssBLUP model

$$\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{Wu} + \boldsymbol{e}$$

— $\boldsymbol{y}$ wydajności fenotypowe

— $\boldsymbol{\beta}$ efekty stałe

— $\boldsymbol{u}$ wartości hodowlane

— $\boldsymbol{u} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{u_1} \\ \boldsymbol{u_2} \end{bmatrix}$

— $\boldsymbol{e}$ błąd

→ Osobniki niezgenotypowane: $\boldsymbol{u_1} = \boldsymbol{a_1}$

→ Osobniki zgenotypowane: $\boldsymbol{u_2} = \boldsymbol{a_2} + \boldsymbol{Zg}$

Copyright ©2022, Joanna Szyda

Jednostopniowy model oceny – single step BLUP

- ssBLUP struktura kowariancji

$$\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{Wu} + \boldsymbol{e}$$

  - $\boldsymbol{u} \sim N(\boldsymbol{0}, \boldsymbol{A})$
  - $\boldsymbol{A} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{A_{11}} & \boldsymbol{A_{12}} \\ \boldsymbol{A_{21}} & \boldsymbol{A_{22}} \end{bmatrix}$
  - $\boldsymbol{A_{11}}$ macierz kowariancji między osobnikami niezgenotypowanymi
  - $\boldsymbol{A_{11}}$ obliczona na podstawie spokrewnienia
  - $\boldsymbol{A_{11}\sigma_u^2} = \boldsymbol{Var(u_1)}$

Copyright ©2022, Joanna Szyda

Jednostopniowy model oceny – single step BLUP

- ssBLUP struktura kowariancji

$$\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{Wu} + \boldsymbol{e}$$

— $\boldsymbol{u} \sim N(\boldsymbol{0}, \boldsymbol{A})$

— $\boldsymbol{A} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{A_{11}} & \boldsymbol{A_{12}} \\ \boldsymbol{A_{21}} & \boldsymbol{A_{22}} \end{bmatrix}$

— $\boldsymbol{A_{22}}$ macierz kowariancji między osobnikami zgenotypowanymi

— $\boldsymbol{A_{22}}$ obliczona na podstawie spokrewnienia **oraz** genotypów

— $\boldsymbol{Var(u_2) = Var(a_2) + Var(Zg)}$

— $\boldsymbol{Var(a_2) = A_{22}\sigma_u^2} \cdot k$

— $\boldsymbol{Var(Zg) \approx ZIZ^T}$

— $\boldsymbol{Var(Zg) = ZBZ^T}$

$$\boldsymbol{B = I\frac{1-k}{\sum_{i=1}^{N_{SNP}}(p_i q_i)}}$$

Copyright ©2022, Joanna Szyda

ss G-BLUP

Jednostopniowy model oceny – ssG-BLUP

- Predykcja tylko wartości hodowlanych
- Brak predykcji efektów SNP bezpośrednio w modelu
- Efekty SNP → backsolving
- Aguilar et al., 2010
- Christensen and Lund, 2010

Copyright ©2025, Joanna Szyda

Single step G-BLUP

ss G-BLUP model: $\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{Wu} + \boldsymbol{e}$

- $\boldsymbol{y}$ wydajności fenotypowe
- $\boldsymbol{\beta}$ efekty stałe
- $\boldsymbol{u}$ wartości hodowlane
- $\boldsymbol{u} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{u_1} \\ \boldsymbol{u_2} \end{bmatrix}$
- $\boldsymbol{e}$ błąd

Copyright ©2025, Joanna Szyda

Single step G-BLUP

ss G-BLUP struktura kowariancji $\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{Wu} + \boldsymbol{e}$

- $\boldsymbol{u} \sim N(\boldsymbol{0}, \boldsymbol{H})$
- $\boldsymbol{H} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{A}_{11} & \boldsymbol{A}_{12} \\ \boldsymbol{A}_{21} & \boldsymbol{A}_{22} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \boldsymbol{A}_{12}\boldsymbol{A}_{22}^{-1}\left(\boldsymbol{G} - \boldsymbol{A}_{22}\right)\boldsymbol{A}_{22}^{-1}\boldsymbol{A}_{21} & \boldsymbol{A}_{12}\boldsymbol{A}_{22}^{-1}\left(\boldsymbol{G} - \boldsymbol{A}_{22}\right) \\ \left(\boldsymbol{G} - \boldsymbol{A}_{22}\right)\boldsymbol{A}_{22}^{-1}\boldsymbol{A}_{21} & \boldsymbol{G} - \boldsymbol{A}_{22} \end{bmatrix}$
- $\boldsymbol{G}$ macierz spokrewnień genomowych obliczonych na podstawie SNP

Copyright ©2025, Joanna Szyda

Single step G-BLUP

estymacja / predykcja efektów modelu → MME → $\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{W}\boldsymbol{h} + \boldsymbol{e}$

$$\begin{bmatrix} \boldsymbol{X}^T\boldsymbol{X} & \boldsymbol{X}^T\boldsymbol{W} \\ \boldsymbol{W}^T\boldsymbol{X} & \boldsymbol{W}^T\boldsymbol{W} + \boldsymbol{H}^{-1}\dfrac{\sigma_e^2}{\sigma_u^2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \widehat{\boldsymbol{\beta}} \\ \widehat{\boldsymbol{h}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{X}^T\boldsymbol{y} \\ \boldsymbol{W}^T\boldsymbol{y} \end{bmatrix}$$

$$\boldsymbol{H}^{-1} = \boldsymbol{A}^{-1} + \begin{bmatrix} \boldsymbol{0} & \boldsymbol{0} \\ \boldsymbol{0} & \boldsymbol{G}^{-1} - \boldsymbol{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

Copyright ©2025, Joanna Szyda

Single step G-BLUP

- Uzyskanie $\boldsymbol{G}^{-1}$ → Aguilar, Misztal, Legarra, Tsuruta (2011)
- "APY" inverse → Algorithm for Proven and Young animals
- "APY" inverse → aproksymacja $\boldsymbol{G}^{-1}$
- "APY" inverse → zależy od podziały zgenotypowanej populacji na p – proven i y – young

$$\boldsymbol{H}^{-1} = \boldsymbol{A}^{-1} + \begin{bmatrix} \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \boldsymbol{G}^{-1} - \boldsymbol{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

$$\boldsymbol{G} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{G}_{pp} & \boldsymbol{G}_{py} \\ \boldsymbol{G}_{py} & \boldsymbol{G}_{yy} \end{bmatrix} \qquad \boldsymbol{G}^{-1} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{G}_{pp}^{-1} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} -\boldsymbol{G}_{pp}^{-1} \\ \boldsymbol{I} \end{bmatrix} \boldsymbol{M}^{-1} \begin{bmatrix} -\boldsymbol{G}_{pp}^{-1} & \boldsymbol{I} \end{bmatrix}$$

Copyright ©2022, Joanna Szyda

ss SNP-BLUP

Jednostopniowy model oceny – ssSNP-BLUP

- Predykcja efektów SNP bezpośrednio w modelu
- Znajomość efektów SNP pozwala na obliczenie DGV dla młodych osobników poza oficjalnymi terminami oceny
- Liu et al. (2014)

Copyright ©2025, Joanna Szyda

Single step SNP-BLUP

ss SNP-BLUP włączenie efektów SNP: $\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{W}\boldsymbol{h} + \boldsymbol{e}$

- $\boldsymbol{h} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{u_1} \\ \boldsymbol{u_2} \\ \boldsymbol{g} \end{bmatrix}$
  - wartości hodowlane osobników niezgenotypowanych
  - wartości hodowlane osobników zgenotypowanych
  - efekty SNP

- $\boldsymbol{h} \sim \boldsymbol{N}\left(\boldsymbol{0}, \boldsymbol{H}\sigma_u^2\right)$

- $\boldsymbol{H} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{KGK'} + \boldsymbol{D} & \boldsymbol{KG} & \boldsymbol{KZB} \\ \boldsymbol{GK'} & \boldsymbol{G} & \boldsymbol{ZB} \\ \boldsymbol{BZ'K'} & \boldsymbol{BZ'} & \boldsymbol{B} \end{bmatrix}$

$\boldsymbol{G}$ m. spokrewnień genomowych

$\boldsymbol{K} = \boldsymbol{A}_{12}\boldsymbol{A}_{22}^{-1}$

$\boldsymbol{B}$ m. diagonalna ~ frekwencje alleli

Copyright ©2025, Joanna Szyda

Single step SNP-BLUP

estymacja / predykcja efektów modelu → MME → $\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{W}\boldsymbol{h} + \boldsymbol{e}$

$$\begin{bmatrix} \boldsymbol{X}^T\boldsymbol{X} & \boldsymbol{X}^T\boldsymbol{W} \\ \boldsymbol{W}^T\boldsymbol{X} & \boldsymbol{W}^T\boldsymbol{W} + \boldsymbol{H}^{-1}\dfrac{\sigma_e^2}{\sigma_u^2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \widehat{\boldsymbol{\beta}} \\ \widehat{\boldsymbol{h}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{X}^T\boldsymbol{y} \\ \boldsymbol{W}^T\boldsymbol{y} \end{bmatrix}$$

$$\boldsymbol{H}^{-1} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{A}^{11} & \boldsymbol{A}^{12} & \boldsymbol{0} \\ \boldsymbol{A}^{21} & \boldsymbol{A}^{22} + \left(\dfrac{1}{k} - 1\right)\boldsymbol{A}_{22}^{-\boldsymbol{1}} & -\dfrac{1}{k}\boldsymbol{A}_{22}^{-\boldsymbol{1}}\boldsymbol{Z} \\ \boldsymbol{0} & -\dfrac{1}{k}\boldsymbol{Z}^T\boldsymbol{A}_{22}^{-1} & \boldsymbol{B}^{-1}\dfrac{1}{1-k} + \dfrac{1}{k}\boldsymbol{Z}^T\boldsymbol{A}_{22}^{-1}\boldsymbol{Z} \end{bmatrix}$$

Copyright ©2025, Joanna Szyda

1. Ocena dwustopniowa vs ocena jednostopniowa
2. ss SNP-BLUP
3. ss G-BLUP
4. publikacje → egzamin

1. Na czym polega ocena jednostopniowa ?
2. Czym się różni ss SNP-BLUP od ss G-BLUP ?
3. Co to jest APY ?
4. Czy ss SNP-BLUP można zastosować do RR-TDM?

przykłady z literatury

Korelacje pomiędzy wartościami hodowlanymi z różnych modeli

ELSEVIER

Journal of Dairy Science
Volume 95, Issue 7, July 2012, Pages 4065-4073

Different methods to calculate genomic predictions—Comparisons of BLUP at the single nucleotide polymorphism level (SNP-BLUP), BLUP at the individual level (G-BLUP), and the one-step approach (H-BLUP)

M. Koivula *, I. Strandén *, G. Su †, E.A. Mäntysaari *

Copyright ©2022, Joanna Szyda

Korelacje pomiędzy wartościami hodowlanymi z różnych modeli

		Reference bulls				Candidate bulls			
Trait	Model[1]	G_k-BLUP	G_0-BLUP	H-BLUP	PA	G_k-GBLUP	G_0-BLUP	H-BLUP	PA
Milk	SNP-BLUP	0.999	0.999	0.998	0.961	0.999	0.999	0.970	0.678
	G_k-BLUP		0.999	0.998	0.963		0.999	0.971	0.680
	G_0-BLUP			0.998	0.961			0.971	0.678
	H-BLUP				0.965				0.763

doi.org/10.3168/jds.2011-4874

Dokładność predyktorów wartości hodowlanej z różnych modeli

PLOS ONE

OPEN ACCESS PEER-REVIEWED

RESEARCH ARTICLE

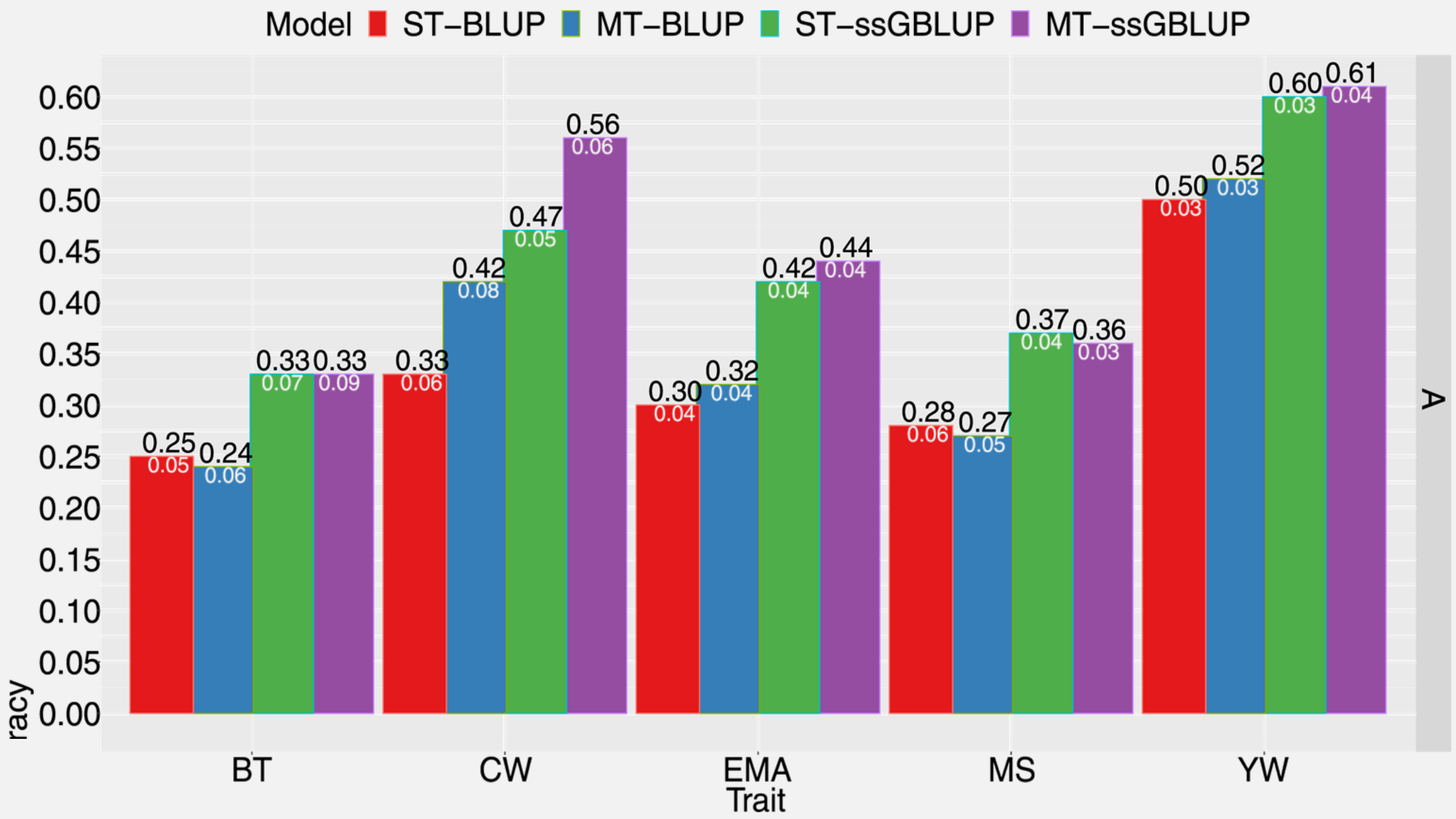
Comparison of conventional BLUP and single-step genomic BLUP evaluations for yearling weight and carcass traits in Hanwoo beef cattle using single trait and multi-trait models

Hossein Mehrban, Deuk Hwan Lee, Masoumeh Naserkheil, Mohammad Hossein Moradi, Noelia Ibáñez-Escriche

Published: October 14, 2019 • https://doi.org/10.1371/journal.pone.0223352

Copyright ©2022, Joanna Szyda

Dokładność predyktorów wartości hodowlanej z różnych modeli



doi.org/10.1371/journal.pone.0223352

1. Ocena dwustopniowa vs ocena jednostopniowa
2. ss SNP-BLUP
3. ss G-BLUP