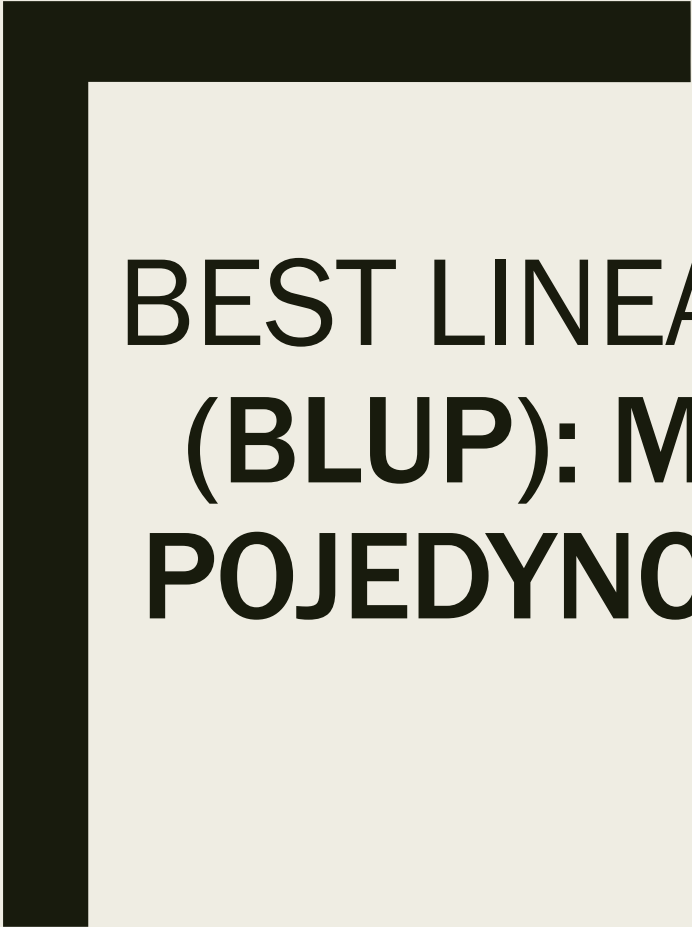
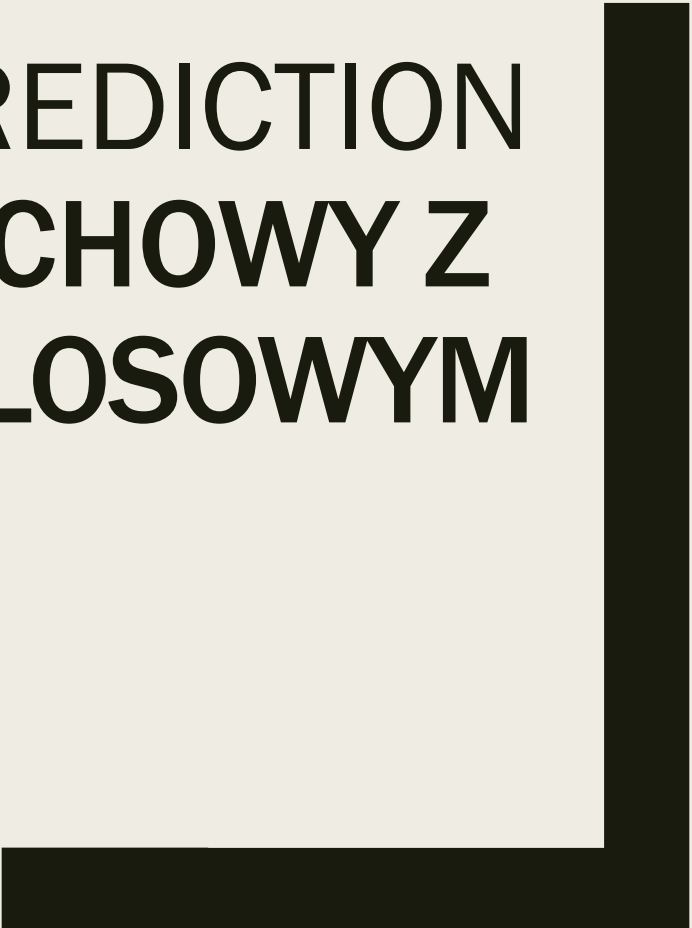




BEST LINEAR UNBIASED PREDICTION (BLUP): MODEL JEDNOCECHOWY Z POJEDYNCZYM EFEKTEM LOSOWYM

Dawid Słomian



Best Linear Unbiased Prediction (BLUP)

- Predykcja a_i na podstawie indeksu selekcyjnego:

$$-I_i = \hat{a}_i = b_1(y_1 - \beta_1) + b_2(y_2 - \beta_2) + b_3(y_3 - \beta_3)$$

- – zakłada znajomość $\beta_i \rightarrow$ w praktyce nieznanych
- – estymator wag $\mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1}\mathbf{G}$ wymaga odwrócenia $\mathbf{P} \rightarrow$ trudne dla dużych zbiorów danych
- BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) $\rightarrow$ równoczesna estymacja efektów stałych (β) i predykcja wartości hodowlanej (a_i)
- Henderson (1949)

■ Podstawowa metoda oceny wartości hodowlanej

<http://www.interbull.org/ib/geforms> --> Method (model) of genetic evaluation



InstitutionalService PortalPublications & EventsInterbull Centre

Search: 

Executive Summary

Code of practice

IDEA

National Publication Links

» Service Portal » National information » GE Forms

NATIONAL GENETIC EVALUATION FORMS PROVIDED BY COUNTRIES

National GE Forms are updated after each routine run for the countries providing new forms.

Click on the breed code to download the respective GE form.

Argentina

- Production (HOL)

Form G

Status as of: 2020-08-28

DESCRIPTION OF NATIONAL GENETIC EVALUATION SYSTEMS

Country (or countries)	Poland
Main trait group ¹	Conformation
NOTE! Only one trait group per form!	
Breed(s)	Polish Holstein-Friesian
Trait definition(s) and unit(s) of measurement ²	Stature, chest width, body depth, angularity, rump angle, rump width, rear leg set, foot angle, fore udder, rear udder height, central ligament, udder depth, fore teat placement, rear teat placement, teat length, final score, udder score, legs & feet score, locomotion, body condition score
Method of measuring and collecting data	Linear or scoring measurements
Time period for data inclusion	cows born since 1995
Age groups (e.g. parities) included	First parity cows
Other criteria (data edits) for inclusion of records	Appraisal is made between 15 and 180 day of first lactation
Criteria for extension of records (if applicable)	None
Sire categories	All sires are evaluated
Environmental effects ³ , pre-adjustments	None
Method (model) of genetic evaluation ³	ST BLUP - AM
Environmental effects ³ in the genetic evaluation model	Linear and quadratic regression on age at calving, herd-year-season-classifier (F), lactation stage (F)
Adjustment for heterogeneous variance in evaluation model	None
Use of genetic groups and relationships	The genetic groups based on unknown parents, sex, birth year and percentage of HF
Blending of foreign/Interbull information in evaluation	Foreign evaluations are not blended

Best Linear Unbiased Prediction (BLUP)

- Best = maksymalizuje $r(\hat{a}_i, a_i)$ i minimalizuje $var(\hat{a}_i - a_i)$ ← prediction error variance (PEV)
- Linear = predyktor a_i jest liniową funkcją obserwacji y_i
- Unbiased = predyktor a_i jest nieobciążony $E(\hat{a}_i) = a_i$
- Predictor = funkcja pozwalająca na predykcję wartości hodowlanej a_i

Best Linear Unbiased Prediction (BLUP)

$$y = Xb + Za + e$$

- y wektor $n \times 1$ obserwacje fenotypowe
- b wektor $p \times 1$ estymatory efektów stałych
- a wektor $q \times 1$ predyktory efektów losowych addytywnie genetycznych
- e wektor $n \times 1$ predyktory efektów losowych błędu
- X macierz $n \times p$ macierz wystąpień odnosząca y_i do poszczególnych klas efektów stałych
- Z macierz $n \times q$ macierz wystąpień odnosząca y_i do poszczególnych klas efektów losowych

n = liczba rekordów danych; p = liczba klas efektów stałych; q = liczba klas efektów losowych

Best Linear Unbiased Prediction (BLUP)

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}$$

- $E(\mathbf{a}) = \mathbf{0}$
- $E(\mathbf{e}) = \mathbf{0}$
- $E(\mathbf{y}) = \mathbf{X}\mathbf{b}$
- $\text{var}(\mathbf{a}) = \mathbf{A}\sigma_a^2 = \mathbf{G}$
- $\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{I}\sigma_e^2 = \mathbf{R}$
- $\text{cov}(\mathbf{a}, \mathbf{e}) = \mathbf{0}$
- $\text{var}(\mathbf{y}) = \text{var}(\mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e})$

Best Linear Unbiased Prediction (BLUP)

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}$$

- $\text{var}(\mathbf{y}) = \text{var}(\mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}) =$

$$\mathbf{Z}\text{var}(\mathbf{a})\mathbf{Z}^T + \mathbf{I}\text{var}(\mathbf{e})\mathbf{I}^T + \text{cov}(\mathbf{Z}\mathbf{a}, \mathbf{e}) = \mathbf{Z}\mathbf{G}\mathbf{Z}^T + \mathbf{R}$$

- $\text{cov}(\mathbf{y}, \mathbf{a}) = \text{cov}(\mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}, \mathbf{a}) = \text{cov}(\mathbf{Z}\mathbf{a}, \mathbf{a}) + \text{cov}(\mathbf{e}, \mathbf{a}) = \mathbf{Z}\text{cov}(\mathbf{a}, \mathbf{a}) + 0 = \mathbf{Z}\mathbf{G}$

- $\text{cov}(\mathbf{y}, \mathbf{e}) = \text{cov}(\mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}, \mathbf{e}) = \text{cov}(\mathbf{Z}\mathbf{a}, \mathbf{e}) + \text{cov}(\mathbf{e}, \mathbf{e}) = \mathbf{R}$

n = liczba rekordów danych; p = liczba klas efektów stałych; q = liczba klas efektów losowych

Best Linear Unbiased Prediction (BLUP)

$$y = Xb + Za + e$$

- MME Mixed Model Equations
- Układ równań modelu mieszanego
- Henderson (1950)
- Układ równań dla predykcji a i estymacji b

$$\begin{bmatrix} X^T R^{-1} X & X^T R^{-1} Z \\ Z^T R^{-1} X & Z^T R^{-1} Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X^T R^{-1} y \\ Z^T R^{-1} y \end{bmatrix}$$

Best Linear Unbiased Prediction (BLUP)

$$y = Xb + Za + e$$

założenia

- y, a, e mają rozkład normalny
- $\rightarrow$ a jest determinowane przez nieskończenie wiele niezależnych genów o addytywnych efektach (infinitesimal model)
- $\rightarrow$ e jest determinowane przez nieskończenie wiele niezależnych czynników
- G, R są znane

Model zwierzęcia – animal model

Calf	Sex	Sire	Dam	WWG (kg)
4	Male	1	Unknown	4.5
5	Female	3	2	2.9
6	Female	1	2	3.9
7	Male	4	5	3.5
8	Male	3	6	5.0

$$y_{ij} = p_i + a_j + e_{ij}$$

- y_{ij} masa ciała osobnika j płci i
- p_i efekt i-tej płci
- a_j wartość hodowlana osobnika j
- e_{ij} błąd dla rekordu osobnika j płci i

Model zwierzęcia – animal model

Calf	Sex	Sire	Dam	WWG (kg)
4	Male	1	Unknown	4.5
5	Female	3	2	2.9
6	Female	1	2	3.9
7	Male	4	5	3.5
8	Male	3	6	5.0

$$y = Xb + Za + e$$

$$y' =$$

$$X' =$$

$$Z =$$

Model zwierzęcia – animal model

Calf	Sex	Sire	Dam	WWG (kg)
4	Male	1	Unknown	4.5
5	Female	3	2	2.9
6	Female	1	2	3.9
7	Male	4	5	3.5
8	Male	3	6	5.0

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}$$

$$\mathbf{y}' = [4.5 \ 2.9 \ 3.9 \ 3.5 \ 5.0]$$

$$\mathbf{X}' =$$

$$\mathbf{Z} =$$

Model zwierzęcia – animal model

Calf	Sex	Sire	Dam	WWG (kg)
4	Male	1	Unknown	4.5
5	Female	3	2	2.9
6	Female	1	2	3.9
7	Male	4	5	3.5
8	Male	3	6	5.0

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}$$

$$\mathbf{y}' = [4.5 \ 2.9 \ 3.9 \ 3.5 \ 5.0]$$

$$\mathbf{X}' = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{Z} =$$

Model zwierzęcia – animal model

Calf	Sex	Sire	Dam	WWG (kg)
4	Male	1	Unknown	4.5
5	Female	3	2	2.9
6	Female	1	2	3.9
7	Male	4	5	3.5
8	Male	3	6	5.0

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}$$

$$\mathbf{y}' = [4.5 \ 2.9 \ 3.9 \ 3.5 \ 5.0]$$

$$\mathbf{X}' = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{Z} = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Model zwierzęcia – animal model

$$\begin{bmatrix} X^T R^{-1} X & X^T R^{-1} Z \\ Z^T R^{-1} X & Z^T R^{-1} Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X^T R^{-1} y \\ Z^T R^{-1} y \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} X^T X & X^T Z \\ Z^T X & Z^T Z + A^{-1} \sigma_a^2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} b \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X^T y \\ Z^T y \end{bmatrix}$$

$$A^{-1} = \begin{bmatrix} 1833 & 0.500 & 0.000 & -0.667 & 0.000 & -1000 & 0.000 & 0.000 \\ 0.500 & 2.000 & 0.500 & 0.000 & -1000 & -1000 & 0.000 & 0.000 \\ 0.000 & 0.500 & 2.000 & 0.000 & -1000 & 0.500 & 0.000 & -1000 \\ -0.667 & 0.000 & 0.000 & 1833 & 0.500 & 0.000 & -1000 & 0.000 \\ 0.000 & -1000 & -1000 & 0.500 & 2.500 & 0.000 & -1000 & 0.000 \\ -1000 & -1000 & 0.500 & 0.000 & 0.000 & 2.500 & 0.000 & -1000 \\ 0.000 & 0.000 & 0.000 & -1000 & -1000 & 0.000 & 2.000 & 0.000 \\ 0.000 & 0.000 & -1000 & 0.000 & 0.000 & -1000 & 0.000 & 2.000 \end{bmatrix}$$

Model zwierzęcia – animal model

Rozwiązania

$$\begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{X} & \mathbf{X}^T \mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}^T \mathbf{X} & \mathbf{Z}^T \mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1} \sigma_a^2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{y} \\ \mathbf{Z}^T \mathbf{y} \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \\ \hat{a}_3 \\ \hat{a}_4 \\ \hat{a}_5 \\ \hat{a}_6 \\ \hat{a}_7 \\ \hat{a}_8 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 3.000 & 0.000 & 0.000 & 0.000 & 0.000 & 1.000 & 0.000 & 0.000 & 1.000 & 1.000 \\ 0.000 & 2.000 & 0.000 & 0.000 & 0.000 & 0.000 & 1.000 & 1.000 & 0.000 & 0.000 \\ 0.000 & 0.000 & 3.667 & 1.000 & 0.000 & -1.333 & 0.000 & -2.000 & 0.000 & 0.000 \\ 0.000 & 0.000 & 1.000 & 4.000 & 1.000 & 0.000 & -2.000 & -2.000 & 0.000 & 0.000 \\ 0.000 & 0.000 & 0.000 & 1.000 & 4.000 & 0.000 & -2.000 & 1.000 & 0.000 & -2.000 \\ 1.000 & 0.000 & -1.333 & 0.000 & 0.000 & 4.667 & 1.000 & 0.000 & -2.000 & 0.000 \\ 0.000 & 1.000 & 0.000 & -2.000 & -2.000 & 1.000 & 6.000 & 0.000 & -2.000 & 0.000 \\ 0.000 & 1.000 & -2.000 & -2.000 & 1.000 & 0.000 & 0.000 & 6.000 & 0.000 & -2.000 \\ 1.000 & 0.000 & 0.000 & 0.000 & 0.000 & -2.000 & -2.000 & 0.000 & 5.000 & 0.000 \\ 1.000 & 0.000 & 0.000 & 0.000 & -2.000 & 0.000 & 0.000 & -2.000 & 0.000 & 5.000 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} 13.0 \\ 6.8 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 4.5 \\ 2.9 \\ 3.9 \\ 3.5 \\ 5.0 \end{bmatrix}$$

Model zwierzęcia – animal model

Rozwiązania

$$\begin{bmatrix} b \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X^T X & X^T Z \\ Z^T X & Z^T Z + A^{-1} \sigma_a^2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X^T y \\ Z^T y \end{bmatrix}$$

$\hat{b}_1$	1	4.358
$\hat{b}_2$	2	3.404
$\hat{a}_1$	1	0.098
$\hat{a}_2$	2	-0.019
$\hat{a}_3$	3	-0.041
$\hat{a}_4$	4	-0.009
$\hat{a}_5$	5	-0.186
$\hat{a}_6$	6	0.177
$\hat{a}_7$	7	-0.249
$\hat{a}_8$	8	0.183

Model zwierzęcia – animal model

Rozwiązania

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix}$$

1	4.358
2	3.404
1	0.098
2	-0.019
3	-0.041
4	-0.009
5	-0.186
6	0.177
7	-0.249
8	0.183

- Osobniki męskie (i=1) mają wyższe przyrosty niż osobniki żeńskie
- Najwyższą wartością hodowlaną charakteryzuje się osobnik 8

Model zwierzęcia – animal model

Dokładność predykcji wartości hodowlanej osobnika i

$$r_i = r(\hat{a}_i, a_i) = \sqrt{1 - c_i^{22} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}}$$

$$\begin{bmatrix} X^T X & X^T Z \\ Z^T X & Z^T Z + A^{-1} \sigma_a^2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} \\ C_{21} & C_{22} \end{bmatrix}$$

3.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	1.000	1.000
0.000	2.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	0.000	0.000
0.000	0.000	3.667	1.000	0.000	-1.333	0.000	-2.000	0.000	0.000
0.000	0.000	1.000	4.000	1.000	0.000	-2.000	-2.000	0.000	0.000
0.000	0.000	0.000	1.000	4.000	0.000	-2.000	1.000	0.000	-2.000
1.000	0.000	-1.333	0.000	0.000	4.667	1.000	0.000	-2.000	0.000
0.000	1.000	0.000	-2.000	-2.000	1.000	6.000	0.000	-2.000	0.000
0.000	1.000	-2.000	-2.000	1.000	0.000	0.000	6.000	0.000	-2.000
1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	-2.000	-2.000	0.000	5.000	0.000
1.000	0.000	0.000	0.000	-2.000	0.000	0.000	-2.000	0.000	5.000

Model zwierzęcia – animal model

Dokładność predykcji wartości hodowlanej osobnika i

$$r_i = r(\hat{a}_i, a_i) = \sqrt{1 - c_i^{22} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}}$$

$$\begin{bmatrix} X^T X & X^T Z \\ Z^T X & Z^T Z + A^{-1} \sigma_a^2 \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix}$$

0.596	0.157	-0.164	-0.084	-0.131	-0.265	-0.148	-0.166	-0.284	-0.238
0.157	0.802	-0.133	-0.241	-0.112	-0.087	-0.299	-0.306	-0.186	-0.199
-0.164	-0.133	0.471	0.007	0.033	0.220	0.045	0.221	0.139	0.134
-0.084	-0.241	0.007	0.492	-0.010	0.020	0.237	0.245	0.120	0.111
-0.131	-0.112	0.033	-0.010	0.456	0.048	0.201	0.023	0.126	0.218
-0.265	-0.087	0.220	0.020	0.048	0.428	0.047	0.128	0.243	0.123
-0.148	-0.299	0.045	0.237	0.201	0.047	0.428	0.170	0.220	0.178
-0.166	-0.306	0.221	0.245	0.023	0.128	0.170	0.442	0.152	0.219
-0.284	-0.186	0.139	0.120	0.126	0.243	0.220	0.152	0.442	0.168
-0.238	-0.199	0.134	0.111	0.218	0.123	0.178	0.219	0.168	0.422

Model zwierzęcia – animal model

Dokładność

Powtarzalność

Calf	Sex	Sire	Dam	WWG (kg)
4	Male	1	Unknown	4.5
5	Female	3	2	2.9
6	Female	1	2	3.9
7	Male	4	5	3.5
8	Male	3	6	5.0

Animal	Diagonals of inverse	r^2	r
1	0.471	0.058	0.241
2	0.492	0.016	0.126
3	0.456	0.088	0.297
4	0.428	0.144	0.379
5	0.428	0.144	0.379
6	0.442	0.116	0.341
7	0.442	0.116	0.341
8	0.422	0.156	0.395

Rodzice (1,2,3)

➔ brak własnych
fenotypów

➔ niższa
dokładność

Model ojcowski

- **Oceniana jest tylko wartość hodowlana ojców**
- **Historycznie wcześniejszy od modelu zwierzęcia**
- **Mniejsze wymiary MME**

Model ojcowski $y = Xb + Zs + e$

- y wektor $n \times 1$ obserwacje fenotypowe
- b wektor $p \times 1$ estymatory efektów stałych
- s wektor $q \times 1$ predyktory efektów losowych addytywnie genetycznych
- e wektor $n \times 1$ predyktory efektów losowych błędu
- X macierz $n \times p$ macierz wystąpień odnosząca y_i do poszczególnych klas efektów stałych
- Z macierz $n \times q$ macierz wystąpień odnosząca y_i do poszczególnych klas efektów losowych

n = liczba rekordów danych; p = liczba klas efektów stałych; q = liczba klas efektów losowych

Model ojcowski

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{s} + \mathbf{e}$$

- $E(\mathbf{s}) = \mathbf{0}$
- $E(\mathbf{e}) = \mathbf{0}$
- $E(\mathbf{y}) = \mathbf{X}\mathbf{b}$
- $var(\mathbf{s}) = \mathbf{A}\sigma_s^2$
- $var(\mathbf{e}) = \mathbf{I}\sigma_e^2 = \mathbf{R}$
- $cov(\mathbf{s}, \mathbf{e}) = \mathbf{0}$
- $var(\mathbf{y}) = var(\mathbf{Z}\mathbf{s} + \mathbf{e}) = \mathbf{Z}\mathbf{A}\mathbf{Z}^T\sigma_s^2 + \mathbf{R}$
- $\sigma_s^2 = \frac{1}{4}\sigma_a^2$

Model ojcowski

Calf	Sex	Sire	Dam	WWG (kg)
4	Male	1	Unknown	4.5
5	Female	3	2	2.9
6	Female	1	2	3.9
7	Male	4	5	3.5
8	Male	3	6	5.0

$$y_{ij} = p_i + s_j + e_{ij}$$

- y_{ij} masa ciała osobnika j płci i
- p_i efekt i-tej płci
- s_j wartość hodowlana **ojca** osobnika j (1,3,4)
- e_{ij} błąd dla rekordu osobnika j płci i

Model ojcowski

Calf	Sex	Sire	Dam	WWG (kg)
4	Male	1	Unknown	4.5
5	Female	3	2	2.9
6	Female	1	2	3.9
7	Male	4	5	3.5
8	Male	3	6	5.0

$$\mathbf{y}' = [4.5 \ 2.9 \ 3.9 \ 3.5 \ 5.0]$$

$$\mathbf{X}' = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{s} + \mathbf{e}$$

~~$$\mathbf{Z} = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$~~

$$\mathbf{Z} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

Model ojcowski

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{X} & \mathbf{X}^T \mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}^T \mathbf{X} & \mathbf{Z}^T \mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1} \sigma_s^2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{y} \\ \mathbf{Z}^T \mathbf{y} \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{A}^{-1} = \begin{bmatrix} 1333 & 0.0 & -0.667 \\ 0.000 & 1.0 & 0.000 \\ -0.667 & 0.0 & 1333 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{s}_1 \\ \hat{s}_3 \\ \hat{s}_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 3.000 & 0.000 & 1000 & 1000 & 1000 \\ 0.000 & 2.000 & 1000 & 1000 & 0.000 \\ 1000 & 1000 & 16.666 & 0.000 & -7.334 \\ 1000 & 1000 & 0.000 & 13.000 & 0.000 \\ 1000 & 0.000 & -7.334 & 0.000 & 15.666 \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} 13.00 \\ 6.80 \\ 8.40 \\ 7.90 \\ 3.50 \end{bmatrix}$$

Model ojcowski

Rozwiązania

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{X} & \mathbf{X}^T \mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}^T \mathbf{X} & \mathbf{Z}^T \mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1} \sigma_s^2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{y} \\ \mathbf{Z}^T \mathbf{y} \end{bmatrix}$$

1	4.358	1	4.336
2	3.404	2	3.382
1	0.098	1	0.022
2	-0.019	3	0.014
3	-0.041	4	-0.043
4	-0.009		
5	-0.186		
6	0.177		
7	-0.249		
8	0.183		

- Estymatory efektu płci różne
- Różnice pomiędzy efektami płci takie same

Model ojcowski

Rozwiązania

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X^T X & X^T Z \\ Z^T X & Z^T Z + A^{-1} \sigma_s^2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X^T y \\ Z^T y \end{bmatrix}$$

1	4.358	1	4.336
2	3.404	2	3.382
1	0.098	1	0.022
2	-0.019	3	0.014
3	-0.041	4	-0.043
4	-0.009		
5	-0.186		
6	0.177		
7	-0.249		
8	0.183		

- Predyktory s_i różne → brak informacji o a_i matek
- Rankingi s_i jednakowe

Model zwierzęcia z wykorzystaniem grup genetycznych

- Osobniki o nieznanym rodzicach → osobniki reprezentujące populację bazową
- Założenie populacji bazowej → średnia $a_i=0$
- W praktyce poszczególne „komponenty” populacji bazowej mają różne średnie a_i z uwagi na różną intensywność selekcji:
 - Ojcowie buhajów
 - Ojcowie krów
 - Matki buhajów
 - Matki krów
 - Osobniki importowane z różnych krajów
 - Osobniki urodzone w różnych latach

Model zwierzęcia z wykorzystaniem grup genetycznych

- Westell & Van Vleck (1987)
- **phantom parents** → „sztuczni” rodzice osobników z populacji bazowej
- **phantom parents** → definiowane wg „kategorii”
 - Ojcowie buhajów
 - Ojcowie krów
 - Matki buhajów
 - Matki krów
 - Kraj pochodzenia osobnika z populacji bazowej
 - Rok urodzenia osobnika z populacji bazowej

Model zwierzęcia z wykorzystaniem grup genetycznych

$$y_{ij} = h_j + a_i + \sum_{k=1}^K t_{ik} g_k + e_{ij}$$

- y_{ij} fenotyp krowy i ze stada j
- h_j stały efekt j-tego stada
- a_i losowy efekt wartości hodowlana osobnika i
- g_k stały efekt k-tej grupy genetycznej
- t_{ik} współczynnik spokrewnienia między osobnikiem i, a grupą k
- e_{ij} błąd

Model zwierzęcia z wykorzystaniem grup genetycznych

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{Z}\mathbf{Q}\mathbf{g} + \mathbf{e}$$

$$\mathbf{Q} = \mathbf{T}\mathbf{Q}^*$$

- $\mathbf{Q}^*$ macierz wystąpień odnosząca przodka do danej grupy genetycznej
- $\mathbf{T} \leftarrow \mathbf{A} = \mathbf{T}\mathbf{D}\mathbf{T}^T$

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{Z}\mathbf{Q} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1}\alpha & \mathbf{Z}'\mathbf{Z}\mathbf{Q} \\ \mathbf{Q}'\mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Q}'\mathbf{Z}'\mathbf{Z} & \mathbf{Q}'\mathbf{Z}'\mathbf{Z}\mathbf{Q} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}} \\ \hat{\mathbf{a}} \\ \hat{\mathbf{g}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Q}'\mathbf{Z}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

Model zwierzęcia z wykorzystaniem grup genetycznych

Calf	Sex	Sire	Dam	WWG (kg)
4	Male	1	Unknown	4.5
5	Female	3	2	2.9
6	Female	1	2	3.9
7	Male	4	5	3.5
8	Male	3	6	5.0

Calf	Sire	Dam
1	Unknown	Unknown
2	Unknown	Unknown
3	Unknown	Unknown
4	1	Unknown
5	3	2
6	1	2
7	4	5
8	3	6

Calf	Sire	Dam
1	M1	M2
2	M3	M4
3	M5	M6
4	1	M7
5	3	2
6	1	2
7	4	5
8	3	6

Calf	Sire	Dam
1	G1	G2
2	G1	G2
3	G1	G2
4	1	G2
5	3	2
6	1	2
7	4	5
8	3	6

Model zwierzęcia z wykorzystaniem grup genetycznych

$$Q = TQ^*$$

1	0	=																1	0	
0	1			M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7	1	2	3	4	5	6	7	8	0	1
1	0		M1	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1	0
0	1		M2	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0	1
1	0		M3	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1	0
0	1		M4	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0	1
0	1		M5	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0	1
0.5	0.5		M6	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.00	0.00	0.00	0.00	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0	0
0.5	0.5		M7	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.00	0.00	0.00	0.00	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0	0
0.5	0.5		1	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.00	1.00	0.00	0.00	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0	0
0.5	0.5	2	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000	0.00	0.00	1.00	0.00	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0	0	
0.25	0.75	3	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.00	0.00	0.00	1.00	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0	0	
0.5	0.5	4	0.250	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.50	0.50	0.00	0.00	1.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0	0	
0.5	0.5	5	0.000	0.000	0.250	0.250	0.250	0.250	0.00	0.00	0.50	0.50	0.0	1.0	0.0	0.0	0.0	0	0	
0.5	0.5	6	0.250	0.250	0.250	0.250	0.000	0.000	0.00	0.50	0.50	0.00	0.0	0.0	1.0	0.0	0.0	0	0	
0.375	0.625	7	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.125	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.5	0.0	1.0	0.0	0	0	
0.5	0.5	8	0.125	0.125	0.125	0.125	0.250	0.250	0.00	0.25	0.25	0.50	0.0	0.0	0.5	0.0	1.0	0	0	

Rozwiązanie układu równań MME

$$\begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{X} & \mathbf{X}^T \mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}^T \mathbf{X} & \mathbf{Z}^T \mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1} \sigma_s^2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{y} \\ \mathbf{Z}^T \mathbf{y} \end{bmatrix}$$
$$\boldsymbol{\theta} = \mathbf{W}^{-1} \mathbf{y}$$

TABLE 2. Central processing unit time in minutes used for preprocessing (CPU_{Pre}) and iterating 1000 rounds (CPU₁₀₀₀) with different iterative methods by model¹.

Iterative method ²	Univariate model		Multivariate model	
	CPU _{Pre}	CPU ₁₀₀₀	CPU _{Pre}	CPU ₁₀₀₀
SOR(IMIT)	2.3	19.9	41.5	102.3
JCG(IMIT)	7.1	18.1	52.6	78.2
GSJ(IOD)	1.5	142.9	2.4	365.9
GSSJ(IOD)	1.4	42.9	2.0	111.7
GSSJ(IOD,RR) ³	2.1	34.2	2.2	95.6
PCG(IOD,RR)	1.3	22.4	1.5	69.8
PCG(IOD,RR,U)	1.3	19.6	1.5	52.6

¹Some of the programs had the mixed model equations in the memory (IMIT), and others used iteration on data (IOD) algorithm when performing the necessary computations. Random regression test-day models (RR) were allowed by some of the programs. One of the programs used the new computing technique (U).

²SOR = Successive overrelaxation in PEST Version 2.8, JCG = Jacobi conjugate gradient as in DMU Version 4, GSJ = Jacobi on animal effects and Gauss-Siedel on others with relaxation as in PEST Version 2.8, GSSJ = Gauss-Seidel on herd effect and second-order Jacobi on others as in DMU Version 4 and DMUIOD Version 2.1, and PCG = preconditioned conjugate gradient method.

Gauss-Seidel

Jacobi

Conjugate gradient

Preconditioned conjugate gradient

Preconditioned conjugate gradient

$$\begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{X} & \mathbf{X}^T \mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}^T \mathbf{X} & \mathbf{Z}^T \mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1} \sigma_s^2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{y} \\ \mathbf{Z}^T \mathbf{y} \end{bmatrix}$$
$$\boldsymbol{\theta} = \mathbf{W}^{-1} \mathbf{y}$$

PCG wykorzystuje “preconditioner” → macierz $\mathbf{P}$

$$\boldsymbol{\theta} = \mathbf{W}^{-1} \mathbf{y}$$
$$\mathbf{P}^{-1} \boldsymbol{\theta} = \mathbf{P}^{-1} \mathbf{W}^{-1} \mathbf{y}$$

A second-level diagonal preconditioner for single-step SNPBLUP

The preconditioned conjugate gradient (PCG) method is an iterative solver of linear equations systems commonly used in animal breeding. However, the PCG method has been shown to encounter convergence issues wh...

Jeremie Vandenplas, Mario P. L. Calus, Herwin Eding and Cornelis Vuik

Genetics Selection Evolution 2019 51:30

Research Article | Published on: 25 June 2019

[Full Text](#) [PDF](#)

Computational strategies for the preconditioned conjugate gradient method applied to ssSNPBLUP, with an application to a multivariate maternal model

The single-step single nucleotide polymorphism best linear unbiased prediction (ssSNPBLUP) is one of the single-step evaluations that enable a simultaneous analysis of phenotypic and pedigree information of ge...

Jeremie Vandenplas, Herwin Eding, Maarten Bosmans and Mario P. L. Calus

Genetics Selection Evolution 2020 52:24

Research Article | Published on: 13 May 2020

[Full Text](#) [PDF](#)

Convergence behavior of single-step GBLUP and SNPBLUP for different termination criteria

The preconditioned conjugate gradient (PCG) method is the current method of choice for iterative solving of genetic evaluations. The relative difference between two successive iterates and the relative residua...

Jeremie Vandenplas, Mario P. L. Calus, Herwin Eding, Mathijs van Pelt, Rob Bergsma and Cornelis Vuik

Genetics Selection Evolution 2021 53:34

Research Article | Published on: 9 April 2021

[Full Text](#) [PDF](#)

Dziękuję za uwagę