



BEST LINEAR UNBIASED PREDICTION (BLUP): MODEL WIELOCECHOWY

Dawid Słomian



Wielocechowy model BLUP

- selekcja osobników → na podstawie wielu cech
- mBLUP (**m**ultivariate **B**est **L**inear **U**nbiased **P**rediction)
 - *Henderson and Quaas (1976)*
 - *najlepsza metoda jednoczesnej predykcji wartości hodowlanej dla kilku cech*
 - *wykorzystuje informację o korelacji pomiędzy cechami*
 - *korelacje genetyczne*
 - *korelacje efektów błędu*

Wielocechowy model BLUP

- Cecha 1

- $y_1 = X_1 b_1 + Z_1 a_1 + e_1$

- Cecha 2

- $y_2 = X_2 b_2 + Z_2 a_2 + e_2$

- Bi-variate model

- $$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Wielocechowy model BLUP

- $$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$
- y_i obserwacje fenotypowe cechy i
- b_i estymatory efektów stałych cechy i
- a_i predyktory wartości hodowlanej cechy i
- e_i predyktory efektów błędu cechy i
- X_i macierz wystąpień dla klas efektów stałych
- Z_i macierz wystąpień dla klas efektów losowych

Wielocechowy model BLUP

$$\blacksquare \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

- $var(\mathbf{a}_i) = A\sigma_{a_i}^2 = Ag_{ii}$
- $cov(\mathbf{a}_1, \mathbf{a}_2) = A\sigma_{a_{1,2}} = Ag_{12}$
- $var(\mathbf{e}_i) = I\sigma_{e_i}^2 = Ir_{ii}$
- $cov(\mathbf{e}_1, \mathbf{e}_2) = I\sigma_{e_{1,2}} = Ir_{12}$

Wielocechowy model BLUP

- $$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

- $$G_0 = \begin{bmatrix} g_{11} & g_{12} \\ g_{21} & g_{22} \end{bmatrix} \quad R_0 = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} \\ r_{21} & r_{22} \end{bmatrix}$$

- $$\text{var} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ g_{21}A & g_{22}A & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & r_{11}I & r_{12}I \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & r_{21}I & r_{22}I \end{bmatrix}$$

Wielocechowy model BLUP

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

$$\blacksquare X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \quad Z = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \quad b = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} \quad a = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix}$$

$$\blacksquare \mathbf{G}_0^{-1} = \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{21} & g^{22} \end{bmatrix} \quad \mathbf{R}_0^{-1} = \begin{bmatrix} r^{11} & r^{12} \\ r^{21} & r^{22} \end{bmatrix} \quad R^{11} = I r^{11}$$

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1^T R^{11} X_1 & X_1^T R^{12} X_2 & X_1^T R^{11} Z_1 + & X_1^T R^{12} Z_2 + \\ X_2^T R^{12} X_1 & X_2^T R^{22} X_2 & X_2^T R^{21} Z_1 + & X_2^T R^{22} Z_2 + \\ Z_1^T R^{11} X_1 & Z_1^T R^{12} X_2 & Z_1^T R^{11} Z_1 + A^{-1} g^{11} & Z_1^T R^{12} Z_2 + A^{-1} g^{12} \\ Z_2^T R^{21} X_1 & Z_2^T R^{22} X_2 & Z_2^T R^{21} Z_1 + A^{-1} g^{21} & Z_2^T R^{22} Z_2 + A^{-1} g^{22} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X_1^T R^{11} y_1 + X_1^T R^{12} y_2 \\ X_2^T R^{21} y_1 + X_2^T R^{22} y_2 \\ Z_1^T R^{11} y_1 + Z_1^T R^{12} y_2 \\ Z_2^T R^{21} y_1 + Z_2^T R^{22} y_2 \end{bmatrix}$$

Identyczne macierze wystąpień

Dane

Calf	Sex	Sire	Dam	WWG	PWG
4	Male	1	–	4.5	6.8
5	Female	3	2	2.9	5.0
6	Female	1	2	3.9	6.8
7	Male	4	5	3.5	6.0
8	Male	3	6	5.0	7.5

WWG, pre-weaning gain; PWG, post-weaning gain.

Model
$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Macierz wystąpień
$$X_1^T = X_2^T = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

LHS
$$y^T = [y_1^T \ y_2^T] = [4.5 \ 2.9 \ 3.9 \ 3.5 \ 5.0 \ 6.8 \ 5.0 \ 6.0 \ 6.0 \ 7.5]$$

Identyczne macierze wystąpień

Struktura kowariancji

$$\mathbf{G}_0 = \begin{bmatrix} g_{11} & g_{12} \\ g_{21} & g_{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 20 & 18 \\ 18 & 40 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{R}_0 = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} \\ r_{21} & r_{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 40 & 11 \\ 11 & 30 \end{bmatrix}$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \\ \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}\mathbf{A} & g_{12}\mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ g_{21}\mathbf{A} & g_{22}\mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & r_{11}\mathbf{I} & r_{12}\mathbf{I} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & r_{21}\mathbf{I} & r_{22}\mathbf{I} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}\mathbf{A} & g_{12}\mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ g_{21}\mathbf{A} & g_{22}\mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R}_{11} & \mathbf{R}_{12} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R}_{21} & \mathbf{R}_{22} \end{bmatrix}$$

Identyczne macierze wystąpień

$$\mathbf{G}_0^{-1} = \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{21} & g^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.084 & -0.038 \\ -0.038 & 0.042 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{R}_0^{-1} = \begin{bmatrix} r^{11} & r^{12} \\ r^{21} & r^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.028 & -0.010 \\ -0.010 & 0.037 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1^T R^{11} X_1 & X_1^T R^{12} X_2 & X_1^T R^{11} Z_1 + & X_1^T R^{12} Z_2 + \\ X_2^T R^{12} X_1 & X_2^T R^{22} X_2 & X_2^T R^{21} Z_1 + & X_2^T R^{22} Z_2 + \\ Z_1^T R^{11} X_1 & Z_1^T R^{12} X_2 & Z_1^T R^{11} Z_1 + A^{-1} g^{11} & Z_1^T R^{12} Z_2 + A^{-1} g^{12} \\ Z_2^T R^{21} X_1 & Z_2^T R^{22} X_2 & Z_2^T R^{21} Z_1 + A^{-1} g^{21} & Z_2^T R^{22} Z_2 + A^{-1} g^{22} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X_1^T R^{11} y_1 + X_1^T R^{12} y_2 \\ X_2^T R^{21} y_1 + X_2^T R^{22} y_2 \\ Z_1^T R^{11} y_1 + Z_1^T R^{12} y_2 \\ Z_2^T R^{21} y_1 + Z_2^T R^{22} y_2 \end{bmatrix}$$

Identyczne macierze wystąpień

Rozwiązania

Effects	Multivariate analysis traits		Univariate analysis traits	
	WWG	PWG	WWG	PWG
<i>Sex*</i>				
1	4.361	6.800	4.358	6.798
2	3.397	5.880	3.404	5.879
<i>Animal</i>				
1	0.151	0.280	0.098	0.277
2	-0.015	-0.008	-0.019	-0.005
3	-0.078	-0.170	-0.041	-0.171
4	-0.010	-0.013	-0.009	-0.013
5	-0.270	-0.478	-0.186	-0.471
6	0.276	0.517	0.177	0.514
7	-0.316	-0.479	-0.249	-0.464
8	0.244	0.392	0.183	0.384

model jedno vs wielocechowy

- Podobne różnice dla płci
- Małe różnice dla PWG → wysoka odziedziczalność 0.57
- Większe różnice dla WWG → niższa odziedziczalność

Identyczne macierze wystąpień

Dokładność predykcji wartości hodowlanej

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

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

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1^T R^{11} X_1 & X_1^T R^{12} X_2 & X_1^T R^{11} Z_1 + & X_1^T R^{12} Z_2 + \\ X_2^T R^{12} X_1 & X_2^T R^{22} X_2 & X_2^T R^{21} Z_1 + & X_2^T R^{22} Z_2 + \\ Z_1^T R^{11} X_1 & Z_1^T R^{12} X_2 & Z_1^T R^{11} Z_1 + A^{-1} g^{11} & Z_1^T R^{12} Z_2 + A^{-1} g^{12} \\ Z_2^T R^{21} X_1 & Z_2^T R^{22} X_2 & Z_2^T R^{21} Z_1 + A^{-1} g^{21} & Z_2^T R^{22} Z_2 + A^{-1} g^{22} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X_1^T R^{11} y_1 + X_1^T R^{12} y_2 \\ X_2^T R^{21} y_1 + X_2^T R^{22} y_2 \\ Z_1^T R^{11} y_1 + Z_1^T R^{12} y_2 \\ Z_2^T R^{21} y_1 + Z_2^T R^{22} y_2 \end{bmatrix}$$

Identyczne macierze wystąpień

Dokładność predykcji wartości hodowlanej

Animal	Multivariate analysis				Univariate analysis reliability	
	Diagonals ^a		Reliability		WWG	PWG
	WWG	PWG	WWG	PWG		
1	18.606	35.904	0.070	0.102	0.058	0.102
2	19.596	38.768	0.020	0.031	0.016	0.031
3	17.893	33.799	0.105	0.155	0.088	0.155
4	16.506	29.727	0.175	0.257	0.144	0.256
5	16.541	29.865	0.173	0.253	0.144	0.253
6	17.152	31.504	0.142	0.212	0.116	0.212
7	17.115	31.364	0.144	0.216	0.116	0.216
8	16.285	29.160	0.186	0.271	0.156	0.270

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

- Podobna dokładność dla PWG → wyższa h^2
- Wzrost dokładności dla WWG → niższa h^2
- Dodatkowa informacja z **G** i **R_0**

Brakujące rekordy danych

Dane

Calf	Sex	Sire	Dam	WWG (kg)	PWG (kg)
4	Male	1	—	4.5	—
5	Female	3	2	2.9	5.0
6	Female	1	2	3.9	6.8
7	Male	4	5	3.5	6.0
8	Male	3	6	5.0	7.5
9	Female	7	8	4.0	—

Brakujące dane dla PWG → osobniki 4 i 9

Brakujące rekordy danych

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

$$X_1 = \begin{bmatrix} 10 \\ 01 \\ 01 \\ 10 \\ 10 \\ 01 \end{bmatrix} \quad X_2 = \begin{bmatrix} 00 \\ 01 \\ 01 \\ 10 \\ 10 \\ 00 \end{bmatrix}$$

Brakujące rekordy danych

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1^T R^{11} X_1 & X_1^T R^{12} X_2 & X_1^T R^{11} Z_1 + & X_1^T R^{12} Z_2 + \\ X_2^T R^{12} X_1 & X_2^T R^{22} X_2 & X_2^T R^{21} Z_1 + & X_2^T R^{22} Z_2 + \\ Z_1^T R^{11} X_1 & Z_1^T R^{12} X_2 & Z_1^T R^{11} Z_1 + A^{-1} g^{11} & Z_1^T R^{12} Z_2 + A^{-1} g^{12} \\ Z_2^T R^{21} X_1 & Z_2^T R^{22} X_2 & Z_2^T R^{21} Z_1 + A^{-1} g^{21} & Z_2^T R^{22} Z_2 + A^{-1} g^{22} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X_1^T R^{11} y_1 + X_1^T R^{12} y_2 \\ X_2^T R^{21} y_1 + X_2^T R^{22} y_2 \\ Z_1^T R^{11} y_1 + Z_1^T R^{12} y_2 \\ Z_2^T R^{21} y_1 + Z_2^T R^{22} y_2 \end{bmatrix}$$

- Różne macierze kowariancji błędu $R^{11} = I_{r^{11}}$
 - osobniki z brakującymi danymi $\rightarrow$ odwrotność wartości wariancji

$$R_o^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{40} & -0.010 \\ -0.010 & 0.037 \end{bmatrix}$$

- osobniki z pełnymi danymi $\rightarrow$ element odwróconej macierzy R_o

$$R_o^{-1} = \begin{bmatrix} 0.028 & -0.010 \\ -0.010 & 0.037 \end{bmatrix}$$

Brakujące rekordy danych

$$r_m^{11} = \frac{1}{40} \quad r_o^{11} = 0.028$$

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1^T R^{11} X_1 & X_1^T R^{12} X_2 & X_1^T R^{11} Z_1 + & X_1^T R^{12} Z_2 + \\ X_2^T R^{12} X_1 & X_2^T R^{22} X_2 & X_2^T R^{21} Z_1 + & X_2^T R^{22} Z_2 + \\ Z_1^T R^{11} X_1 & Z_1^T R^{12} X_2 & Z_1^T R^{11} Z_1 + A^{-1} g^{11} & Z_1^T R^{12} Z_2 + A^{-1} g^{12} \\ Z_2^T R^{21} X_1 & Z_2^T R^{22} X_2 & Z_2^T R^{21} Z_1 + A^{-1} g^{21} & Z_2^T R^{22} Z_2 + A^{-1} g^{22} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X_1^T R^{11} y_1 + X_1^T R^{12} y_2 \\ X_2^T R^{21} y_1 + X_2^T R^{22} y_2 \\ Z_1^T R^{11} y_1 + Z_1^T R^{12} y_2 \\ Z_2^T R^{21} y_1 + Z_2^T R^{22} y_2 \end{bmatrix}$$

Zależnie od osobnika R^{11} zawiera na przekątnej r_m^{11} lub r_o^{11}

Brakujące rekordy danych

Rozwiązania

Effects	Multivariate analysis		Univariate analysis	
	WWG	PWG	WWG	PWG
<i>Sex</i>				
1	4.327	6.793	4.325	6.784
2	3.598	5.966	3.599	5.873
<i>Animal</i>				
1	0.154	0.288	0.100	0.273
2	-0.059	-0.053	-0.059	0.000
3	-0.061	-0.163	-0.022	-0.165
4	0.027	0.036	0.022	-0.025
5	-0.307	-0.521	-0.218	-0.464
6	0.235	0.477	0.138	0.518
7	-0.280	-0.452	-0.211	-0.460
8	0.272	0.407	0.214	0.392
9	0.077	0.051	0.081	-0.034

model jedno vs wielo cechowy

- Różnice w estymatorach płci dla PWG
 - Różnice w wartościach hodowlanych PWG dla osobników 4 i 9 (brakujące rekordy PWG)
- model jednocechowy: informacja od krewnych
- model wielo cechowy: informacja od krewnych + **G** + **R**

Różne macierze wystąpień

Dane

Cow	Sire	Dam	HYS1	HYS2	FAT1	FAT2
4	1	2	1	1	201	280
5	3	2	1	2	150	200
6	1	5	2	1	160	190
7	3	4	1	1	180	250
8	1	7	2	2	285	300

HYS1, HYS2, herd-year-season for parity 1 and 2, respectively;
FAT1, FAT2, fat yield in parity 1 and 2.

Różne wartości efektu stałego HYS (herd-year-season_of_calving) dla cech FAT1 i FAT2

$$X_1^T = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad X_2^T = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Różne macierze wystąpień

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1^T R^{11} X_1 & X_1^T R^{12} X_2 & X_1^T R^{11} Z_1 + & X_1^T R^{12} Z_2 + \\ X_2^T R^{12} X_1 & X_2^T R^{22} X_2 & X_2^T R^{21} Z_1 + & X_2^T R^{22} Z_2 + \\ Z_1^T R^{11} X_1 & Z_1^T R^{12} X_2 & Z_1^T R^{11} Z_1 + A^{-1} g^{11} & Z_1^T R^{12} Z_2 + A^{-1} g^{12} \\ Z_2^T R^{21} X_1 & Z_2^T R^{22} X_2 & Z_2^T R^{21} Z_1 + A^{-1} g^{21} & Z_2^T R^{22} Z_2 + A^{-1} g^{22} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X_1^T R^{11} y_1 + X_1^T R^{12} y_2 \\ X_2^T R^{21} y_1 + X_2^T R^{22} y_2 \\ Z_1^T R^{11} y_1 + Z_1^T R^{12} y_2 \\ Z_2^T R^{21} y_1 + Z_2^T R^{22} y_2 \end{bmatrix}$$

Macierz wystąpień $X_1 \neq X_2$ $Z_1 = Z_2$

Różne macierze wystąpień

Rozwiązania

Effects	Multivariate analysis		Univariate analysis	
	FAT1	FAT2	FAT1	FAT2
<i>HYS</i>				
1	175.7	243.2	175.8	237.1
2	219.6	240.6	220.4	250.0
<i>Animal</i>				
1	8.969	8.840	6.933	8.665
2	-2.999	-2.777	-2.590	-2.244
3	-5.970	-6.063	-4.341	-6.422
4	11.754	11.658	9.103	12.197
5	-16.253	-15.824	-12.992	-15.563
6	-17.314	-15.719	-15.197	-11.149
7	8.690	8.138	7.566	7.696
8	22.702	20.931	19.417	15.560

$$G_0 = \begin{bmatrix} 35 & 28 \\ 28 & 30 \end{bmatrix}$$

$$R_0 = \begin{bmatrix} 65 & 27 \\ 27 & 70 \end{bmatrix}$$

$$h_{FAT1}^2 = \frac{35}{100}$$

$$h_{FAT2}^2 = \frac{30}{100}$$

MACE

Multiple-trait **A**cross **C**ountry **E**valuation

- Model wielocechowy stosowany w przemyśle hodowlanym bydła mlecznego (Schaeffer, 1994)
- Ocena wartości hodowlanej buhajów w różnych krajach
- Interbull
- „Cecha” = kraj
- www.interbull.org/ib/maceev_archive



MACE

MACE model dla pojedynczej cechy np. wydajność mleka w kraju i

$$y_i = \mu_i + Z_i Q w_i + Z_i a_i + e_i$$

- y_i DRP buhaja w kraju i
- μ_i średnia dla kraju i
- w_i efekt grupy genetycznej dla kraju i
- a_i wartość hodowlana buhaja w kraju i
- e_i predyktory efektów błędu dla kraju i
- Q_i macierz wystąpień dla klas fantom parents
- Z_i macierz wystąpień dla wartości hodowlanych

MACE

MACE model dla pojedynczej cechy dla krajów 1 i 2

$$var \begin{bmatrix} w_1 \\ w_2 \\ a_1 \\ a_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A_p & g_{12}A_p & g_{11}A_{pa} & g_{12}A_{pa} & 0 & 0 \\ g_{12}A_p & g_{22}A_p & g_{12}A_{pa} & g_{22}A_{pa} & 0 & 0 \\ g_{11}A_{pa} & g_{12}A_{pa} & g_{11}A_a & g_{12}A_a & 0 & 0 \\ g_{12}A_{pa} & g_{22}A_{pa} & g_{12}A_a & g_{22}A_a & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & D_1\sigma_{e1}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & D_2\sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

- A_p macierz spokrewnień pomiędzy grupami genetycznymi
- A_a macierz spokrewnień pomiędzy buhajami
- A_{pa} macierz spokrewnień pomiędzy w i a
- D_i macierz diagonalna z 1^T_{EDC} dla kraju i
- σ_{ei}^2 wariancja błędu dla kraju

MACE

Effective Daughter Contributions

$$EDC_i = \sum_{k=1}^N \frac{\lambda r_k}{4 - r_k(1 + r_{dk})}$$

- k k-ta córka buhaja i
- $\lambda = \frac{4-h^2}{h^2}$
- r_k dokładność wydajności córki k: $r_k = \frac{n_k h^2}{1+(n_k-1)r}$
- r_{dk} dokładność wydajności matki córki k
- n_k liczba laktacji córki k
- h^2 odziedziczalność cechy, r powtarzalność (między laktacjami)

MACE

MACE przykładowe dane

Sire	Country 1			Country 2		
	EDC	BV	DRP	EDC	BV	DRP
1	58	9.0	9.7229	90	13.5	14.5088
2	150	10.1	9.9717	65	7.6	7.7594
3	20	15.8	19.2651	—	—	—
4	25	−4.7	−8.5711	—	—	—
5	—	—	—	30	19.6	23.9672
6	—	—	—	55	−5.3	−9.6226

EDC, effective daughter contribution; BV, breeding value;
DRP, deregressed proof.

MACE

MACE przykładowa struktura spokrewnienia

Bull	Sire	MGS	MGD
1	7	G3	G5
2	8	9	G5
3	7	2	G5
4	1	G2	G5
5	8	G3	G4
6	1	9	G4
7	G1	G2	G4
8	G1	G2	G4
9	G1	G2	G4

MACE

MACE przykładowe wyniki dla krajów 1 i 2

Effects	Solutions			
	Country 1		Country 2	
<i>Country effect</i>	7.268		9.036	
<i>Animal/group</i>	A	B	A	B
1	2.604	9.871	2.661	11.697
2	2.176	9.444	0.403	9.439
3	8.059	15.327	5.001	14.037
4	-9.865	-2.597	-5.605	3.431
5	13.634	20.902	9.728	18.764
6	-18.086	-10.818	-13.203	-4.167
7	4.310	11.578	3.071	12.106
8	7.015	14.283	4.489	13.525
9	-6.299	0.969	-5.059	3.977
G1	0.174	7.442	-0.092	8.944
G2	-0.124	7.144	0.126	9.162
G3	-0.071	7.197	0.264	9.300
G4	0.087	7.355	-0.288	8.748
G5	-0.067	7.201	-0.010	9.026

A = solutions for animals and groups from the MME; B = solutions for animals and groups expressed in each country scale.

MACE



www.interbull.org/ib/maceev_archive

Introduction

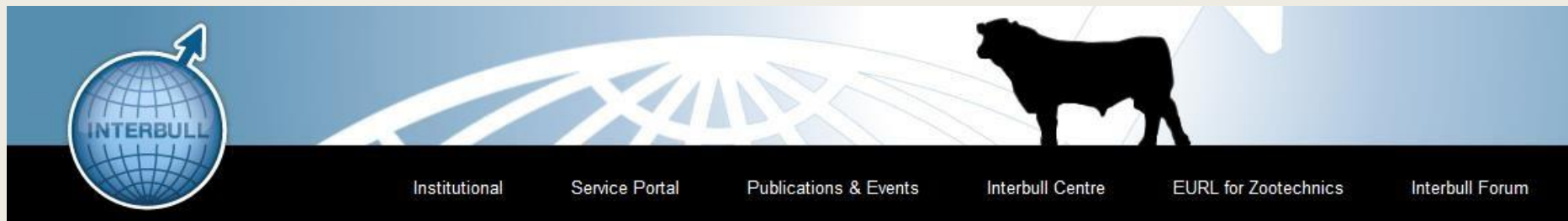
The latest international evaluation for dairy production traits took place as scheduled at the Interbull Centre. Data from thirty-three (33) countries were included in this evaluation.

International genetic evaluations for milk, fat and protein yields of bulls from Australia, Austria-Germany, Belgium, Canada, Croatia, Czech Republic, Denmark-Finland-Sweden, Estonia, France, Hungary, Ireland, Israel, Italy, Japan, Latvia, Lithuania, Netherlands, New Zealand, Norway, Poland, Republic of South Africa, Slovak Republic, Slovenia, Spain, Switzerland, the United Kingdom, the United States of America, Portugal, Korea, and Uruguay were computed. Brown Swiss, Guernsey, Holstein, Jersey, Red Dairy Cattle and Simmental breed data were included in this evaluation.



G_0 dla rasy BSW

BSW	pro										
	CAN	FRA	USA	CHE	ITA	DEA	NLD	SVN	NZL	GBR	AUS
CAN	23.59										
FRA	0.83	20.40									
USA	0.88	0.86	18.71								
CHE	0.83	0.82	0.82	15.71							
ITA	0.83	0.77	0.83	0.85	21.43						
DEA	0.78	0.75	0.81	0.93	0.87	14.56					
NLD	0.84	0.80	0.83	0.81	0.82	0.84	21.87				
SVN	0.66	0.69	0.68	0.65	0.62	0.68	0.64	9.93			
NZL	0.61	0.67	0.64	0.68	0.62	0.70	0.63	0.61	16.10		
GBR	0.83	0.82	0.81	0.81	0.74	0.69	0.82	0.65	0.65	8.48	
AUS	0.68	0.64	0.66	0.60	0.57	0.58	0.63	0.55	0.78	0.63	12.05



Liczba wspólnych buhajów dla rasy BSW

BSW

common bulls below diagonal

common three quarter sib group above diagonal

	CAN	FRA	USA	CHE	ITA	DEA	NLD	SVN	NZL	GBR	AUS
CAN	0	98	191	151	148	163	60	32	37	77	104
FRA	89	0	135	195	229	257	96	51	35	72	79
USA	185	99	0	332	259	352	94	40	48	110	135
CHE	129	154	310	0	519	649	116	76	44	87	126
ITA	132	194	185	461	0	818	147	95	48	96	134
DEA	144	212	319	540	716	0	167	103	59	93	141
NLD	55	82	86	107	122	158	0	47	34	45	68
SVN	29	50	32	72	91	94	47	0	13	22	28
NZL	36	26	40	33	40	53	27	11	0	30	41
GBR	76	61	103	67	71	65	38	17	26	0	68
AUS	107	63	127	86	99	103	51	20	33	62	0



Volume 97, Issue 1
January 2019

JOURNAL ARTICLE

Multivariate genomic predictions for age at puberty in tropically adapted beef heifers¹ FREE

Bailey N Engle, Nicholas J Corbet, Jamie M Allen, Alan R Laing, Geoffry Fordyce, Michael R McGowan, Brian M Burns, Russell E Lyons, Ben J Hayes ✉

Journal of Animal Science, Volume 97, Issue 1, January 2019, Pages 90–100,
<https://doi.org/10.1093/jas/sky428>

Published: 09 November 2018 **Article history ▼**

$$\begin{bmatrix} y_{\text{AGECL}} \\ y_{\text{RMS}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_{\text{AGECL}} & 0 \\ 0 & X_{\text{RMS}} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_{\text{AGECL}} \\ \beta_{\text{RMS}} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} M_{\text{AGECL}} & 0 \\ 0 & M_{\text{RMS}} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_{\text{AGECL}} \\ u_{\text{RMS}} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \varepsilon_{\text{AGECL}} \\ \varepsilon_{\text{RMS}} \end{bmatrix}$$



Journal of Dairy Science
Volume 104, Issue 10, October 2021, Pages 10905-10920



Research

Including milk production, conformation, and functional traits in multivariate models for genetic evaluation of lameness

M. Khansefid¹ , M. Haile-Mariam¹, J.E. Pryce^{1,2}

[Show more](#)

[+ Add to Mendeley](#) [Share](#) [Cite](#)

$$\begin{pmatrix} y_1 \\ \vdots \\ y_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X_1 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & X_n \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_n \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} Z_1 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & Z_n \end{pmatrix} \begin{pmatrix} u_1 \\ \vdots \\ u_n \end{pmatrix} \\ + \begin{pmatrix} w_1 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & w_n \end{pmatrix} \begin{pmatrix} c_1 \\ \vdots \\ c_n \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} e_1 \\ \vdots \\ e_n \end{pmatrix},$$

Dziękuję za uwagę