

Animal Model – viz přednáška č. 10

Odhad PH pomocí animal modelu pro mléčnou užitkovost dojnic a jejich otců.

Modelová rovnice nabývá konkrétní podoby podle toho, jaké efekty při odhadu PH zohledníme – výpočet BLUP se liší v každé zemi, podle živočišného druhu, plemene, kontroly užitkovosti, apod.

Př.: Předpokládáme, že naměřená užitkovost krávy je ovlivněna jen stádem, ve kterém je chována, věkem (tj. pořadím laktace) a genotypem (tj. jedincem se svou jedinečnou genetickou výbavou).

Data:

jedince	stádo	laktace	užitkovost
1	1	1	4500
2*	1	1	5000
3	1	2	6500
4	2	2	8000
5*	2	1	7000

V 1. stádě jsou tři dojnice, z toho dvě jsou na první laktaci a jedna na druhé laktaci. Ve 2. stádě jsou dvě krávy, jedna na první a dvě na druhé laktaci. Podle původu víme, že dojnice č. 2 a 5 mají společného otce* – jsou tedy polosestry. Jiné příbuzenské vztahy nejsou známy. V populaci byl odhadnuta hodnota koeficientu heritability $h^2 = 0,25$.

a) modelová rovnice: $y_{ijkl} = S_i + L_j + u_k + e_{ijkl}$

y – naměřená užitkovost dojnice

S – pevný efekt stáda (1. a 2. stádo)

L – pevný efekt pořadí laktace (1. a 2. laktace)

u – náhodný efekt jedince

e – náhodné vlivy dalších nekontrolovatelných faktorů

b) maticový zápis: $\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e}$

\mathbf{y} – vektor s hodnotami užitkovostí dojnic

\mathbf{X} – designován matice pro pevné efekty (S a L)

\mathbf{b} – vektor řešení odhadu středních hodnot pevných efektů

\mathbf{Z} – designová matice pro náhodné efekty (jedinec)

\mathbf{u} – vektor řešení odhadu náhodných efektů (~ **plemenná hodnota**)

\mathbf{e} – vektor náhodných vlivů

c) Odvozená soustava normálních rovnic smíšeného modelu:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1}\mathbf{K} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

Odhadněte střední hodnoty pevných efektů stáda a pořadí laktace a plemennou hodnotu pro všechny dojnice a otce.

A – aditivně genetická matice příbuznosti

$$K = \frac{1 - h^2}{h^2}$$

Řešení:

```
> x1 <- matrix(c(1,1,1,0,0,0,0,0,0,1,1),5)
> x1
[,1] [,2]
[1,] 1 0
[2,] 1 0
[3,] 1 0
[4,] 0 1
[5,] 0 1

> x2 <- matrix(c(1,1,0,0,1,0,0,1,1,0),5)
> x2
[,1] [,2]
[1,] 1 0
[2,] 1 0
[3,] 0 1
[4,] 0 1
[5,] 1 0

> x <- cbind(x1,x2)
> x
[,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 1 0 1 0
[2,] 1 0 1 0
[3,] 1 0 0 1
[4,] 0 1 0 1
[5,] 0 1 1 0

> A <-
matrix(c(1,0,0,0,0,0,0,0,1,0,0,0.25,0.5,0,0,1,0,0,0,0,0,0,1,0,0,0.25,0,0,1,0.5,0,0,
5,0,0,0.5,1),6)
> A
[,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6]
[1,] 1 0.00 0 0.00 0.0
[2,] 0 1.00 0 0.25 0.5
[3,] 0 0.00 1 0.00 0.0
[4,] 0 0.00 0 1.00 0.0
[5,] 0 0.25 0 0 1.00 0.5
[6,] 0 0.50 0 0 0.50 1.0

> y <- matrix(c(4500,5000,6500,8000,7000),5,1)
> y
[,1]
[1,] 4500
[2,] 5000
[3,] 6500
[4,] 8000
[5,] 7000

> h2 <- 0.25
> K <- (1-h2)/h2
> K
[1] 3

> Z <- diag(1,5)
> Z
[,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,] 1 0 0 0 0
[2,] 0 1 0 0 0
[3,] 0 0 1 0 0
[4,] 0 0 0 1 0
[5,] 0 0 0 0 1

> XX <- t(X) %*% X
> XX
[,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 3 0 2 1
[2,] 0 2 1 1
[3,] 2 1 3 0
[4,] 1 1 0 2
```

```

> XZ <- t(X) %*% Z
> XZ
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    1    1    0    0
[2,]    0    0    0    1    1
[3,]    1    1    0    0    1
[4,]    0    0    1    1    0

> ZX <- t(Z) %*% X
> ZX
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    0    1    0
[2,]    1    0    1    0
[3,]    1    0    0    1
[4,]    0    1    0    1
[5,]    0    1    1    0

> ZZ <- t(Z) %*% Z
> ZZ
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    0    0    0    0
[2,]    0    1    0    0    0
[3,]    0    0    1    0    0
[4,]    0    0    0    1    0
[5,]    0    0    0    0    1

> AK <- K*solve(A)
> AK
      [,1]          [,2]          [,3]          [,4]          [,5]          [,6]
[1,] 3 0.000000e+00 0 0 0.000000e+00 0
[2,] 0 4.000000e+00 0 0 1.665335e-16 -2
[3,] 0 0.000000e+00 3 0 0.000000e+00 0
[4,] 0 0.000000e+00 0 3 0.000000e+00 0
[5,] 0 8.881784e-17 0 0 4.000000e+00 -2
[6,] 0 -2.000000e+00 0 0 -2.000000e+00 5

> AK <- round(AK)
> AK
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6]
[1,] 3 0 0 0 0 0
[2,] 0 4 0 0 0 -2
[3,] 0 0 3 0 0 0
[4,] 0 0 0 3 0 0
[5,] 0 0 0 0 4 -2
[6,] 0 -2 0 0 -2 5

/* Abychom mohli spojit matice ZZ(5x5) a AK (6x6) musíme přidat řádek a sloupec nul do matice ZZ, aby vznikla matice o rozměrech 6x6
Stejně musíme upravit i matice XZ (+ 1 sloupec nul) a ZX (+ 1 řádek nul)
Přidáním nul se nic nemění – jen je pak možné spojit tyto submatice do matice levé strany LS */

> ZO <- matrix(c(0,0,0,0,0))
> ZO
      [,1]
[1,] 0
[2,] 0
[3,] 0
[4,] 0
[5,] 0

> ZZ1 <- cbind(ZZ,ZO)
> ZZ1
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6]
[1,] 1 0 0 0 0 0
[2,] 0 1 0 0 0 0
[3,] 0 0 1 0 0 0
[4,] 0 0 0 1 0 0
[5,] 0 0 0 0 1 0

```

```

> ZO1 <- matrix(c(0,0,0,0,0,0),1,6)
> ZO1
[,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6]
[1,] 0 0 0 0 0 0

> ZZ2 <- rbind(ZZ1,ZO1)
> ZZ2
[,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6]
[1,] 1 0 0 0 0 0
[2,] 0 1 0 0 0 0
[3,] 0 0 1 0 0 0
[4,] 0 0 0 1 0 0
[5,] 0 0 0 0 1 0
[6,] 0 0 0 0 0 0

> XZ0 <- cbind(XZ,matrix(c(0,0,0,0)))
> XZ0
[,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6]
[1,] 1 1 1 0 0 0
[2,] 0 0 0 1 1 0
[3,] 1 1 0 0 1 0
[4,] 0 0 1 1 0 0

> ZX0 <- rbind(ZX,matrix(c(0,0,0,0),1,4))
> ZX0
[,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 1 0 1 0
[2,] 1 0 1 0
[3,] 1 0 0 1
[4,] 0 1 0 1
[5,] 0 1 1 0
[6,] 0 0 0 0

> ZZAK <- ZZ2+AK
> ZZAK
[,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6]
[1,] 4 0 0 0 0 0
[2,] 0 5 0 0 0 -2
[3,] 0 0 4 0 0 0
[4,] 0 0 0 4 0 0
[5,] 0 0 0 0 5 -2
[6,] 0 -2 0 0 -2 5

> LS1 <- cbind(XX,XZ0)
> LS1
[,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
[1,] 3 0 2 1 1 1 1 0 0 0
[2,] 0 2 1 1 0 0 0 1 1 0
[3,] 2 1 3 0 1 1 0 0 1 0
[4,] 1 1 0 2 0 0 1 1 0 0

> LS2 <- cbind(ZX0,ZZAK)
> LS2
[,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
[1,] 1 0 1 0 4 0 0 0 0 0
[2,] 1 0 1 0 0 5 0 0 0 -2
[3,] 1 0 0 1 0 0 4 0 0 0
[4,] 0 1 0 1 0 0 0 4 0 0
[5,] 0 1 1 0 0 0 0 0 5 -2
[6,] 0 0 0 0 0 -2 0 0 -2 5

> LS <- rbind(LS1,LS2)
> LS
[,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
[1,] 3 0 2 1 1 1 1 0 0 0
[2,] 0 2 1 1 0 0 0 1 1 0
[3,] 2 1 3 0 1 1 0 0 1 0
[4,] 1 1 0 2 0 0 1 1 0 0
[5,] 1 0 1 0 4 0 0 0 0 0
[6,] 1 0 1 0 0 5 0 0 0 -2

```

```

[7,]    1    0    0    1    0    0    4    0    0    0
[8,]    0    1    0    1    0    0    0    4    0    0
[9,]    0    1    1    0    0    0    0    0    5   -2
[10,]   0    0    0    0    0   -2    0    0   -2    5

> xy <- t(X) %*% y
> xy
[,1]
[1,] 16000
[2,] 15000
[3,] 16500
[4,] 14500

> zy <- t(Z) %*% y
> zy
[,1]
[1,] 4500
[2,] 5000
[3,] 6500
[4,] 8000
[5,] 7000

> PS <- rbind(Xy,Zy,matrix(c(0)))
> PS
/* rovněž u matice pravé strany musíme
přidat nulu, aby vznikl vektor
o 10 řádcích */
[,1]
[1,] 16000
[2,] 15000
[3,] 16500
[4,] 14500
[5,] 4500
[6,] 5000
[7,] 6500
[8,] 8000
[9,] 7000
[10,] 0

> det <- round(det(LS))
> det
[1] 0
> bu <- solve(LS) %*% PS
Error in solve.default(LS) :
  system is computationally singular: reciprocal condition number = 1.33628e-17

/* Protože determinant matice LS je roven nule, je tato matice singulární a nelze
ji invertovat -> jedním z řešení je použít zobecněnou inverzi...
Je nutné si nahrát balíček MASS z nabídky: Packages -> Load Packages */

```



```

> bu <- ginv(LS) %*% PS
> bu
[,1]
[1,] 2302.23138 ~ odhadnutá odchylka stáda 1
[2,] 4229.74702 ~ odhadnutá odchylka stáda 2 (odchylka 1927)
[3,] 2547.96760 ~ odhadnutá odchylka 1. laktace
[4,] 3984.01080 ~ odhadnutá odchylka 2. laktace (odchylka 1436)
[5,] -87.54974 ~ OPH krávy č. 1
[6,] 47.47015 ~ OPH krávy č. 2
[7,] 53.43945 ~ OPH krávy č. 3
[8,] -53.43945 ~ OPH krávy č. 4
[9,] 61.96703 ~ OPH krávy č. 5
[10,] 43.77487 ~ OPH otce krav č. 2 a 5

```

```

/* Nebo dodám podmínky řešitelnosti: 1. sloupec matice LS zaměním za sloupec nul
s jedničkou na prvním řádku a 2. sloupec budu porovnávat k prvnímu sloupci. */
/* smažu 1. sloupec a vložím místo něj vektor (1,0,0,0,0,0,0,0,0,0), ke kterému
budu porovnávat sloupec 2. */

> LS = LS[,-1]
> LS
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9]
[1,]    0    2    1    1    1    1    0    0    0
[2,]    2    1    1    0    0    0    1    1    0
[3,]    1    3    0    1    1    0    0    1    0
[4,]    1    0    2    0    0    1    1    0    0
[5,]    0    1    0    4    0    0    0    0    0
[6,]    0    1    0    0    5    0    0    0    -2
[7,]    0    0    1    0    0    4    0    0    0
[8,]    1    0    1    0    0    0    4    0    0
[9,]    1    1    0    0    0    0    0    5    -2
[10,]   0    0    0    0   -2    0    0   -2    5

> LSS <- cbind(matrix(c(1,0,0,0,0,0,0,0,0,0)),LS)
> LSS
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
[1,]    1    0    2    1    1    1    1    0    0    0
[2,]    0    2    1    1    0    0    0    1    1    0
[3,]    0    1    3    0    1    1    0    0    1    0
[4,]    0    1    0    2    0    0    1    1    0    0
[5,]    0    0    1    0    4    0    0    0    0    0
[6,]    0    0    1    0    0    5    0    0    0    -2
[7,]    0    0    0    1    0    0    4    0    0    0
[8,]    0    1    0    1    0    0    0    4    0    0
[9,]    0    1    1    0    0    0    0    0    5    -2
[10,]   0    0    0    0    0   -2    0    0   -2    5

> bu <- solve(LSS) %*% PS
> bu <- round(bu)
> bu
      [,1]
[1,]    0
[2,] 1928
[3,] 4850
[4,] 6286
[5,] -88
[6,]  47
[7,]  53
[8,] -53
[9,]  62
[10,] 44

> bu <- round(bu,2)      /* zaokrouhlení na 2 desetinná místa */
> bu
      [,1]
[1,]  0.00
[2,] 1927.52
[3,] 4850.20
[4,] 6286.24
[5,] -87.55
[6,]  47.47
[7,]  53.44
[8,] -53.44
[9,]  61.97
[10,] 43.77

```

Závěry:

- ➔ Stáda se liší v chovatelské péči o 1972 kg mléka, druhá laktace převyšuje první o 1436 kg mléka. Nejlepší kráva je č. 5 ($OPH = +62$ kg) a nejhorší je kráva č. 1 ($OPH = -88$ kg). Genetický rozdíl mezi nimi je 150kg mléka.
- ➔ Kráva č. 4 je druhá nejhorší s plemennou hodnotou -53 kg mléka, přestože v rámci ledovaného souboru dosahuje nejvyšší užitkovost (8000 kg mléka). Při pozornějším ledování však zjistíme, že je na druhé laktaci, tzn., že její vysoká užitkovost je dána vyšším stupněm tělesné dospělosti (+ 1436 kg mléka) a je ve stádě s lepší chovatelskou péčí (+ 1927 kg mléka). Jestliže o tyto položky, které jsou dány technikou chovu, se praví její užitkovost, dostane se na podprůměrnou úroveň.
- ➔ Naopak její vrstevnice – kráva č. 5 – je na první laktaci a na druhé laktaci lze tedy u ní očekávat užitkovost $7000 + 1436 = 8436$ kg mléka. Kráva č. 5 je proto po korekci +436 kg mléka lepší než kráva č. 4, což činí v plemenné hodnotě rozdíl (v odhadu rozdílu genetického založení) 115 kg mléka ($62 + 53$).
- ➔ U krav č. 2 a č. 5 jsou při odhadu plemenné hodnoty využity vlastní užitkovosti zároveň vzájemný příbuzenský vztah zásluhou společného otce. Jejich plemenné hodnoty jsou proto stanoveny přesněji než u ostatních krav. Plemenná hodnota otce je stanovena na základě užitkovosti těchto dcer a činí +44 kg mléka.
- ➔ Jak ukazuje příklad, nelze se při výběru do plemenitby řídit naměřenou užitkovostí, neboť ta je ovlivněna několika činiteli.
- ➔ Na základě odhadu plemenných hodnot dáme přednost zařazení do plemenitby krávám podle tohoto pořadí:

pořadí	kráva	OPH	užitkovost
1	5	+62	7000
2	3	+53	6500
3	2	+47	5000
4	4	-53	8000
5	1	-88	4500

Rozdíly v užitkovostech působené chovatelským prostředím jsou mnohem větší, než genetické rozdíly mezi zvířaty. Naměřená užitkovost je ovlivněna větším počtem významných faktorů, a proto jsou soustavy rovnic složitější a zahrnují více efektů.