

Animal Model řešený v R

– viz přednáška č. 10

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

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 $h^2 = 0,25$.

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

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

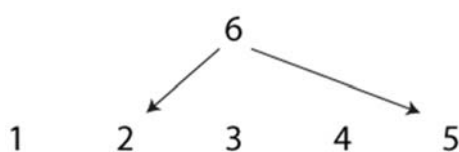
Odvozená soustava normálních rovnic smíšeného modelu:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1}K \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \end{bmatrix} \quad K = \frac{1-h^2}{h^2}$$

Řešení – matice aditivně genetické příbuznosti

• Matice A

Jedince	Otec
1	0
2*	6
3	0
4	0
5*	6



	1	2	3	4	5	otec
1	1	0	0	0	0	0
2	0	1	0	0	0,25	0,5
3	0	0	1	0	0	0
4	0	0	0	1	0	0
5	0	0,25	0	0	1	0,5
otec	0	0,5	0	0	0,5	1

$$a_{ii} = 1 + 0,5(a_{om})$$

$$a_{ij} = 0,5(a_{jo} + a_{jm})$$

Designová matice X

```
X1 <- matrix(c(1,1,1,0,0,0,0,0,1,1),5)
```

```
X1
```

```
  [,1] [,2]
```

```
[1,] 1 0
```

```
[2,] 1 0
```

```
[3,] 1 0
```

```
[4,] 0 1
```

```
[5,] 0 1
```

Pro pevný efekt stádo

```
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
```

**Pro pevný efekt pořadí
laktace**

```
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
```

**Spojení do
jedné
designové
matice X**

Matice aditivně genetické příbuznosti A

```
A <- matrix(c(1,0,0,0,0,0,
              0,1,0,0,0.25,0.5,
              0,0,1,0,0,0,
              0,0,0,1,0,0,
              0,0.25,0,0,1,0.5,
              0,0.5,0,0,0.5,1),6)
```

```
A
```

```
  [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6]
```

```
[1,] 1 0.00 0 0 0.00 0.0
```

```
[2,] 0 1.00 0 0 0.25 0.5
```

```
[3,] 0 0.00 1 0 0.00 0.0
```

```
[4,] 0 0.00 0 1 0.00 0.0
```

```
[5,] 0 0.25 0 0 1.00 0.5
```

```
[6,] 0 0.50 0 0 0.50 1.0
```

Vektor užitekostí y , designová matice Z

```
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
```

Vytvoření matice soustavy normálních rovnic

```
XX <- t(X)%*%X
XZ <- t(X)%*%Z
ZX <- t(Z)%*%X
ZZ <- t(Z)%*%Z
AK <- round(K*solve(A))          současně i zaokrouhlí
/* 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))

ZZ1 <- cbind(ZZ,ZO)
ZO1 <- matrix(c(0,0,0,0,0,0),1,6)
ZZ2 <- rbind(ZZ1,ZO1)
XZ0 <- cbind(XZ,matrix(c(0,0,0,0)))
ZX0 <- rbind(ZX,matrix(c(0,0,0,0),1,4))
ZZAK <- ZZ2+AK
```

Spojení dílčích matic do jedné matice levé strany (**LS**)

```
LS1 <- cbind(XX,XZ0)
LS2 <- cbind(ZX0,ZZAK)
LS <- rbind(LS1,LS2)
```

```
 [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
```

Konstrukce matice pravé strany (**PS**)

```
Xy <- t(X)%*%y
Zy <- t(Z)%*%y
PS <- rbind(Xy,Zy,matrix(c(0)))
/* rovněž u matice pravé strany musíme > PS 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
```

Určení determinantu LS a zobecněná inverze

```
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
```

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:

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.

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