



Alliance



# MrBean: Aplicación Web para la Modelación de Ensayos de Campo

## Sesión 4

Johan Aparicio & Daniel Ariza-Suarez  
Asistentes de Investigación

[j.aparicio@cgiar.org](mailto:j.aparicio@cgiar.org)  
[d.ariza@cgiar.org](mailto:d.ariza@cgiar.org)

Martes, Diciembre 15, 2020



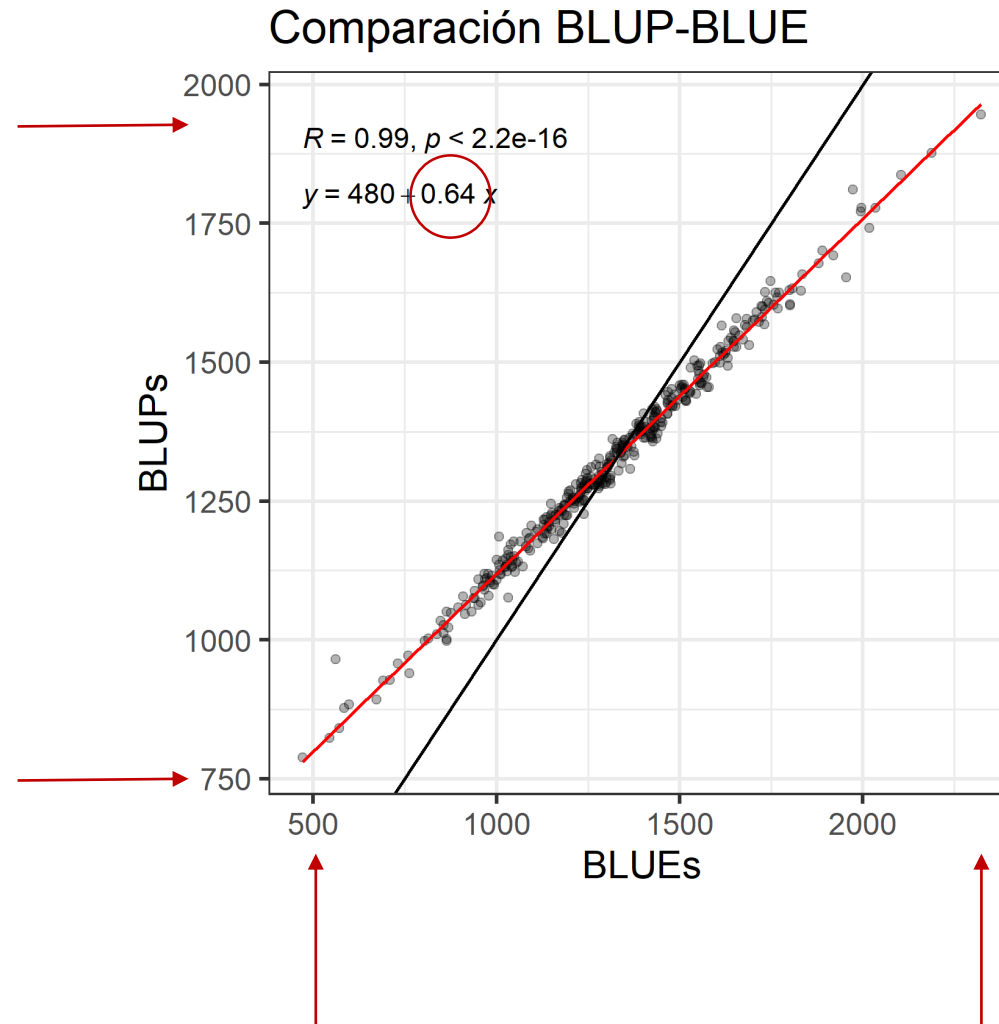
# TOC

- Análisis de experimentos clásicos con **MrBean**
  - Diseño completamente al azar (**DCA**)
  - Diseño en bloques completos al azar (**DBCA**)
  - Diseño en bloques aumentados
  - Diseño alfa-lattice
- Análisis espacial (**Single Trait**)
  - Tendencia espacial
  - BLUPs/BLUEs
- Análisis espacial con checks (**Single Trait**)
  - Varianza genotípica / Heredabilidad
- Múltiples rasgos (**Trait-by-Trait**)
- Análisis de ensayos Multi-Ambientales (**MET**)



[https://apariciojohan.github.io/Starting\\_MrBean/](https://apariciojohan.github.io/Starting_MrBean/)

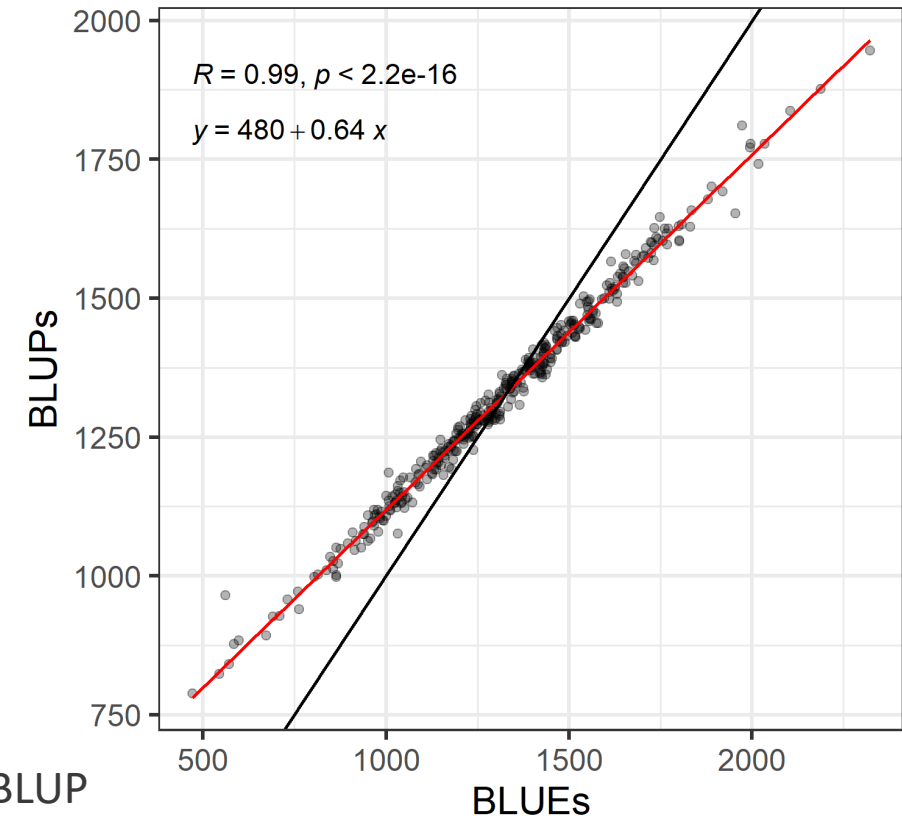
# BLUPs vs BLUEs



# BLUPs vs BLUEs

- El rango del **YdHa** cuando el genotipo es aleatorio es más pequeño que cuando el genotipo es fijo debido al Shrinkage.
- El shrinkage existe en los efectos aleatorios debido a que ellos están restringidos a los definidos por una distribución normal.
- Esto “empuja” los valores extremos hacia la media.
- Para efectos fijos, todos los valores son posibles (no supuestos acerca de los posibles valores)
- En algunos casos las clasificaciones pueden diferir entre BLUE y BLUP. Se ha demostrado (Searle et al., 1992) que BLUP maximiza la probabilidad de identificar la clasificación real de **G**.

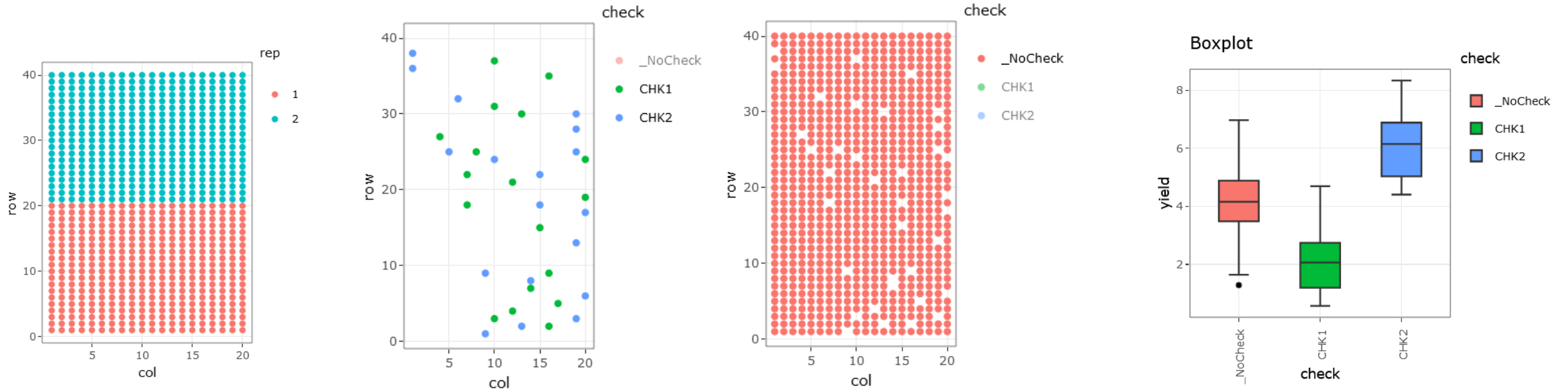
Comparación BLUP-BLUE



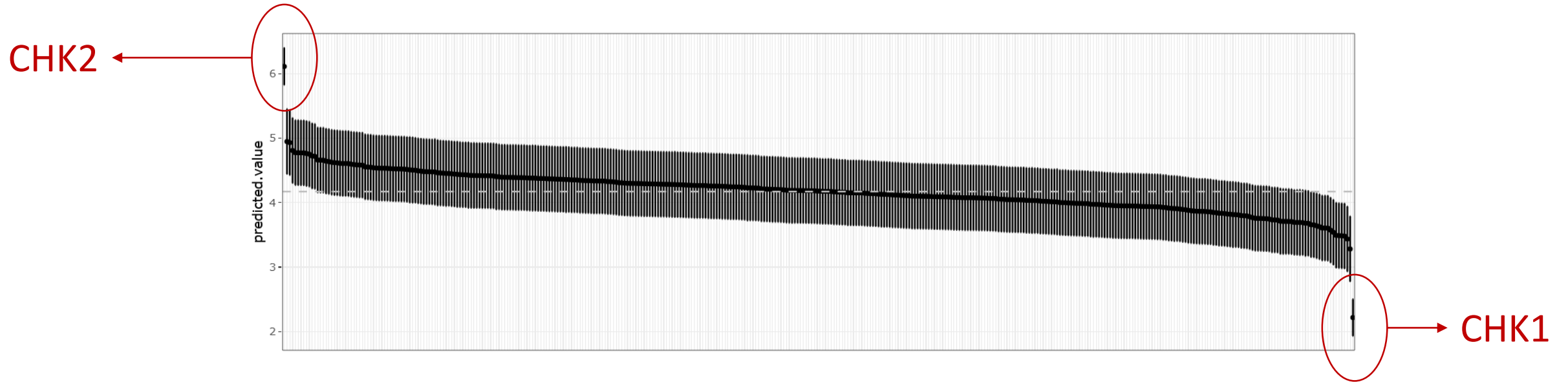
# Análisis Espacial con Checks

Ejemplo con datos simulados (heredabilidad  $h^2 = 0.4$ )

Población de **382** individuos replicados dos veces, y dos controles replicados **18** veces.

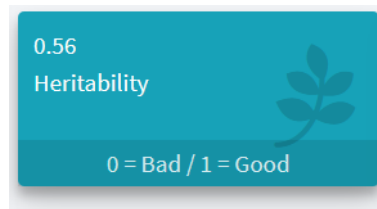


# Qué sucede con la varianza genotípica y la Heredabilidad?



# Qué sucede con la varianza genotípica y la Heredabilidad?

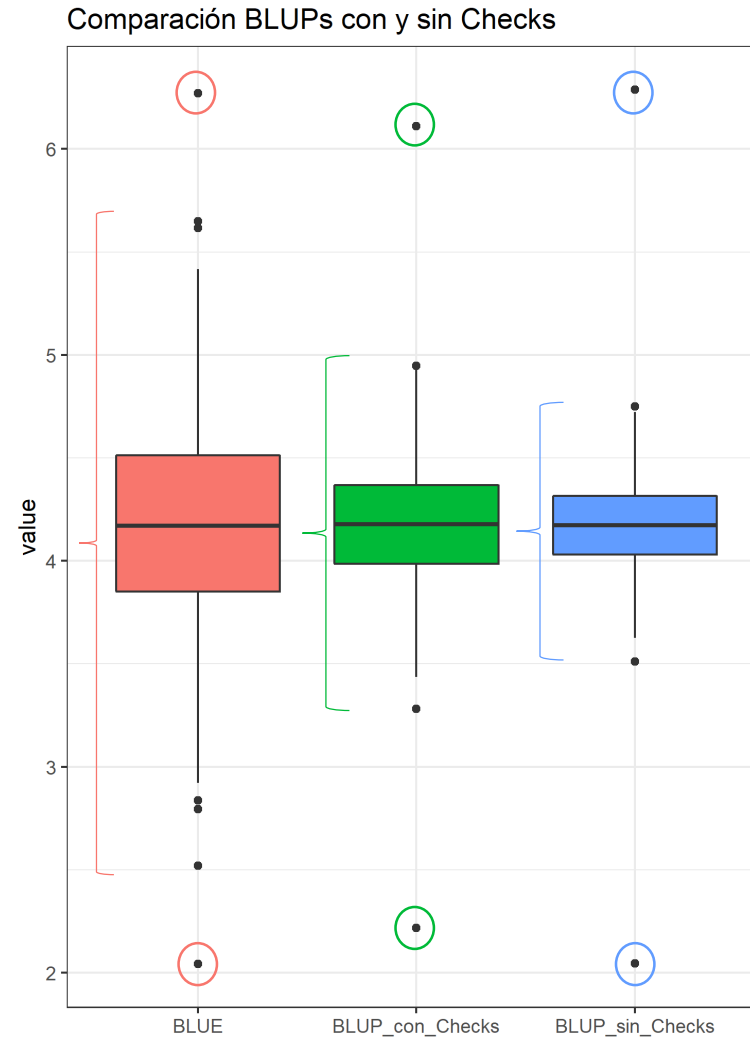
	Component	Variance	SD	log10(lambda)
	All	All		All
1	geno	0.176	0.42	0.165



	Component	Variance	SD	log10(lambda)
	All	All		All
1	geno	0.105	0.324	0.42

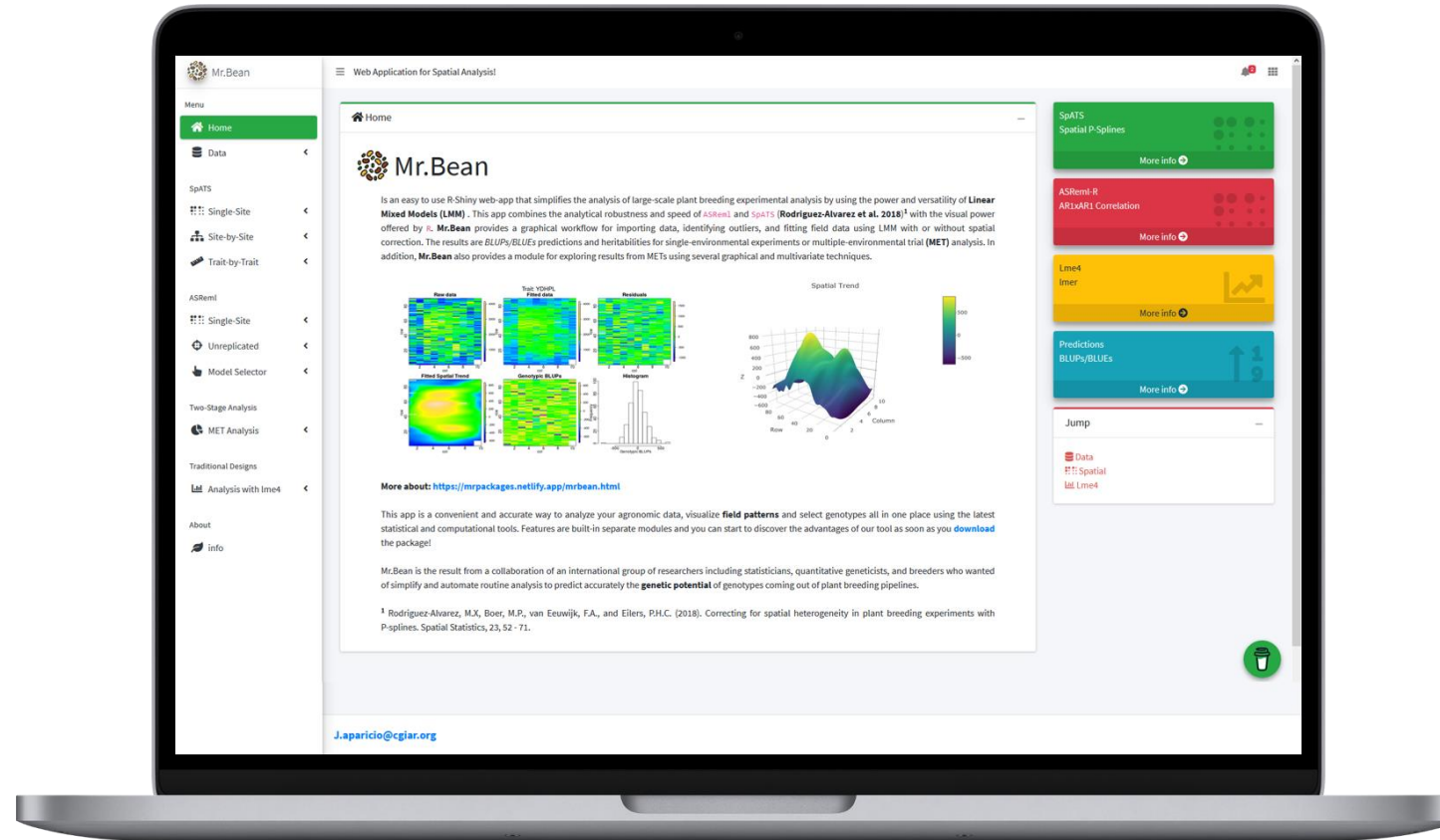


# Distribución (BLUEs/BLUPs)





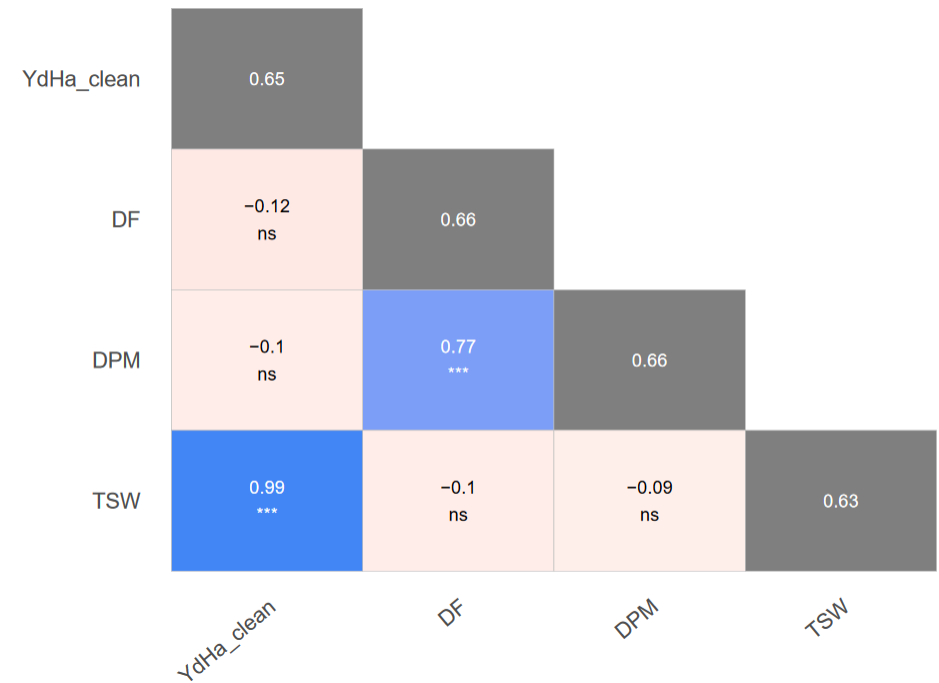
# MrBean



Versión Web MrBean: <https://beanteam.shinyapps.io/MrBean/>  
Página Web MrBean: <https://mrpackages.netlify.app/mrbean.html>  
Repositorio MrBean: <https://apariciojohan.github.io/MrBeanApp/>  
Página del Curso: [https://apariciojohan.github.io/Starting\\_MrBean/](https://apariciojohan.github.io/Starting_MrBean/)

# Múltiples rasgos (Trait-by-Trait)

- Estudiar la correlación que existe entre cada par de rasgos (**pearson correlation** y análisis de componentes principales **PCA**).
- **BLUPs/BLUEs** para todos los rasgos.
- Tabla de **resumen** para cada uno de los rasgos.

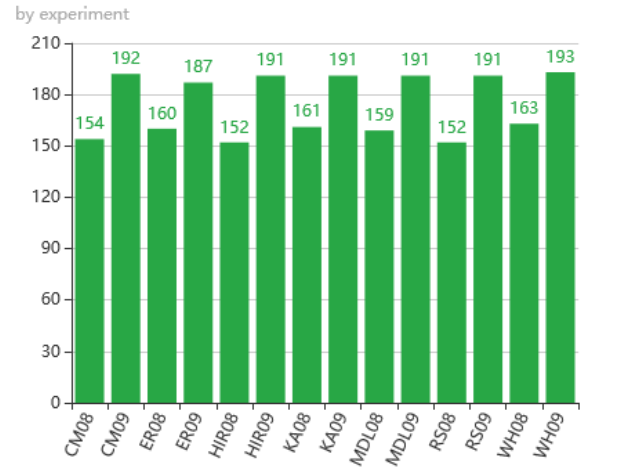


# Ejemplo

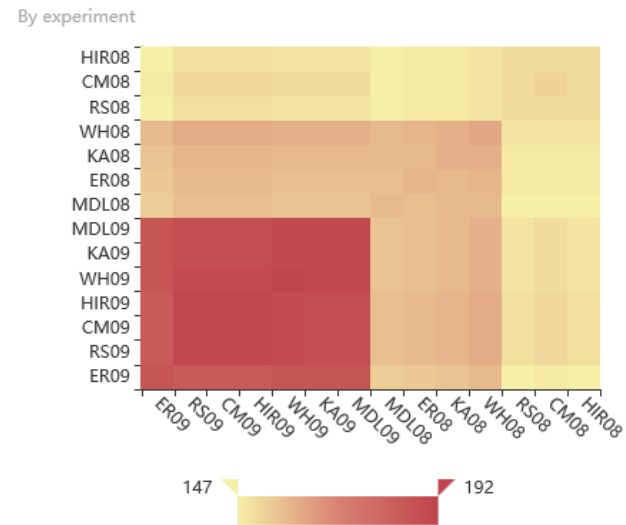


# Múltiples sitios (Site-by-Site)

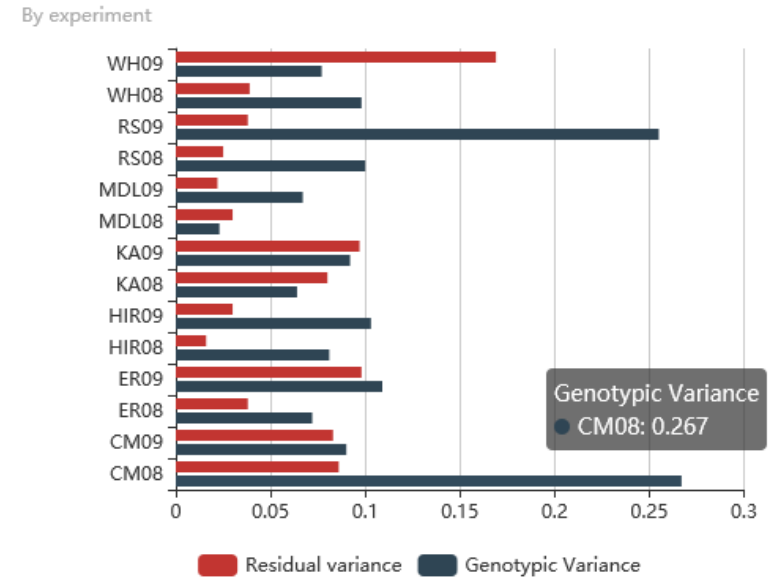
Number of genotypes



Shared genotypes



Variance Comparison



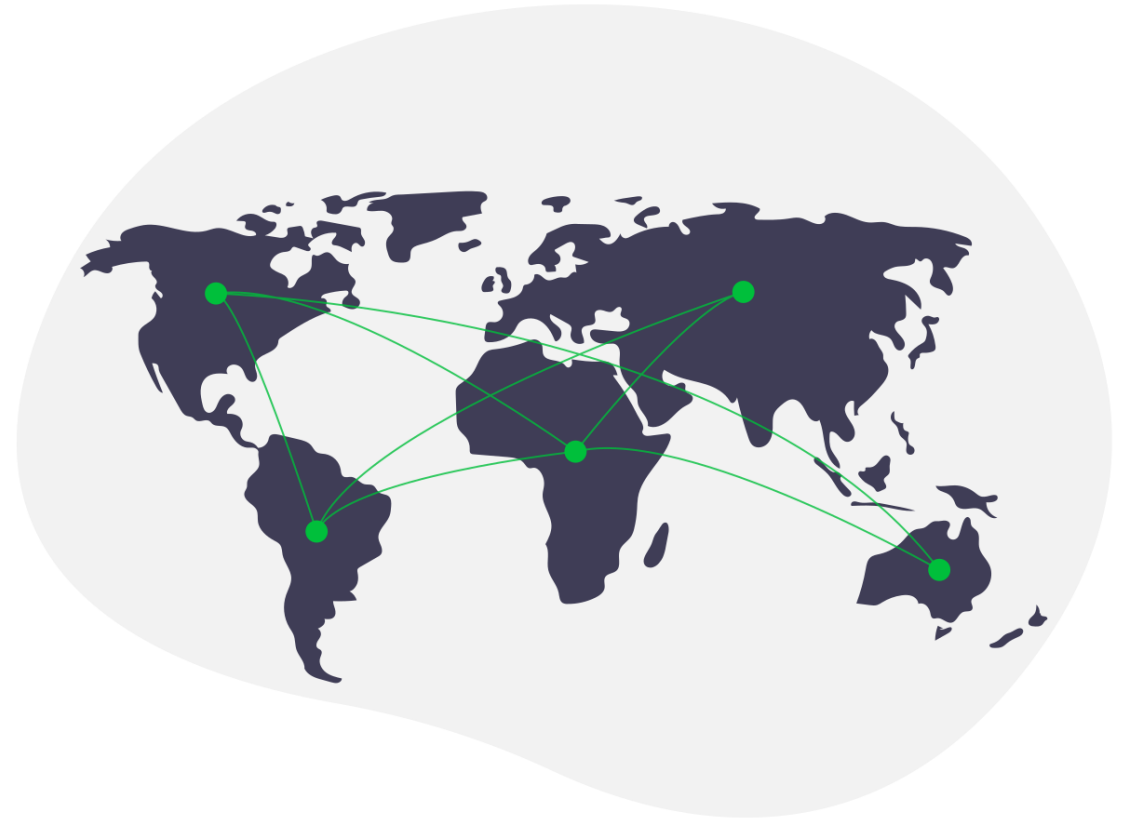
# Introducción

- Most field tests for plant breeding are replicated across **different environments** to measure the performance of breeding stocks across a range of environmental conditions to which a cultivar **might be exposed**.



# Usos Generales

- Incorporar información de varios experimentos (sobre diferentes sitios o años) para obtener valores globales de mejora **BVs**



# Usos Generales

- Permite estimar efectos del **Genotype por Ambiente** (or Genotype-by-Year), y sus estructuras de varianza.
- Critico para entender la estructura poblacional de los genotipos y para definir estrategias de mejoramiento.



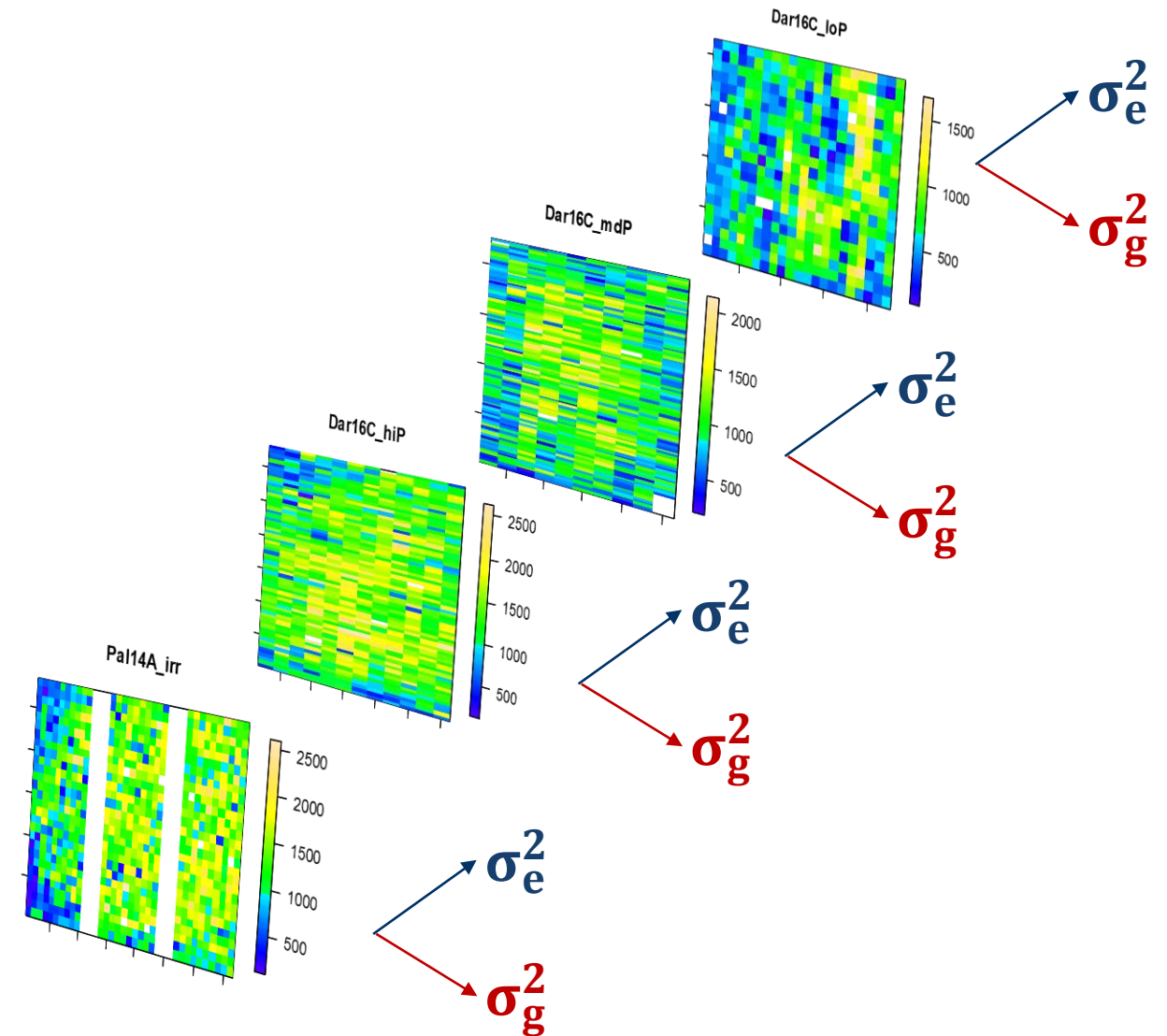
# Usos Generales





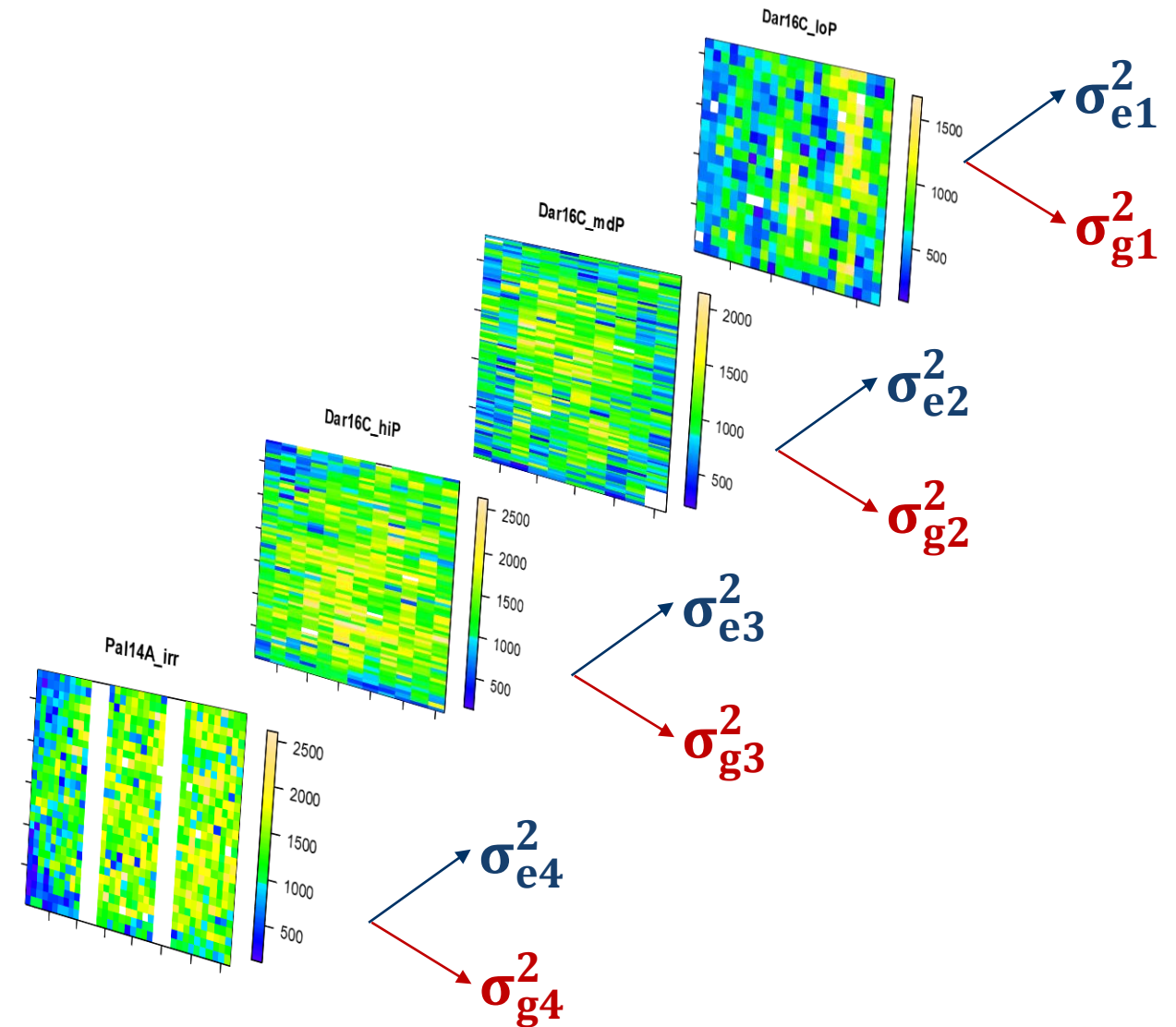
# Dificultades

Cada sitio (o año) tiene su propia “**Personalidad**” (i.e estructura residual, efectos de diseño, etc.) que necesitan ser combinados en un solo análisis.



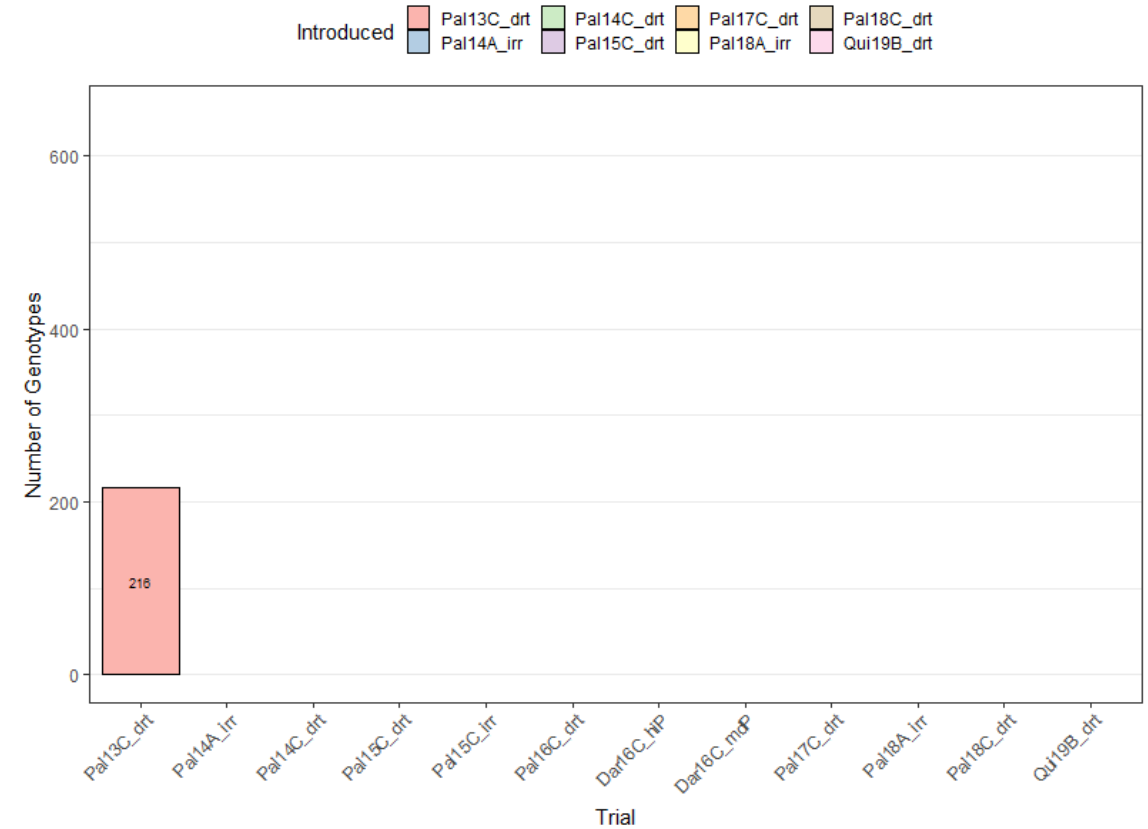
# Dificultades

Cada sitio (o año) tiene su propia “**Personalidad**” (i.e estructura residual, efectos de diseño, etc.) que necesitan ser combinados en un solo análisis.



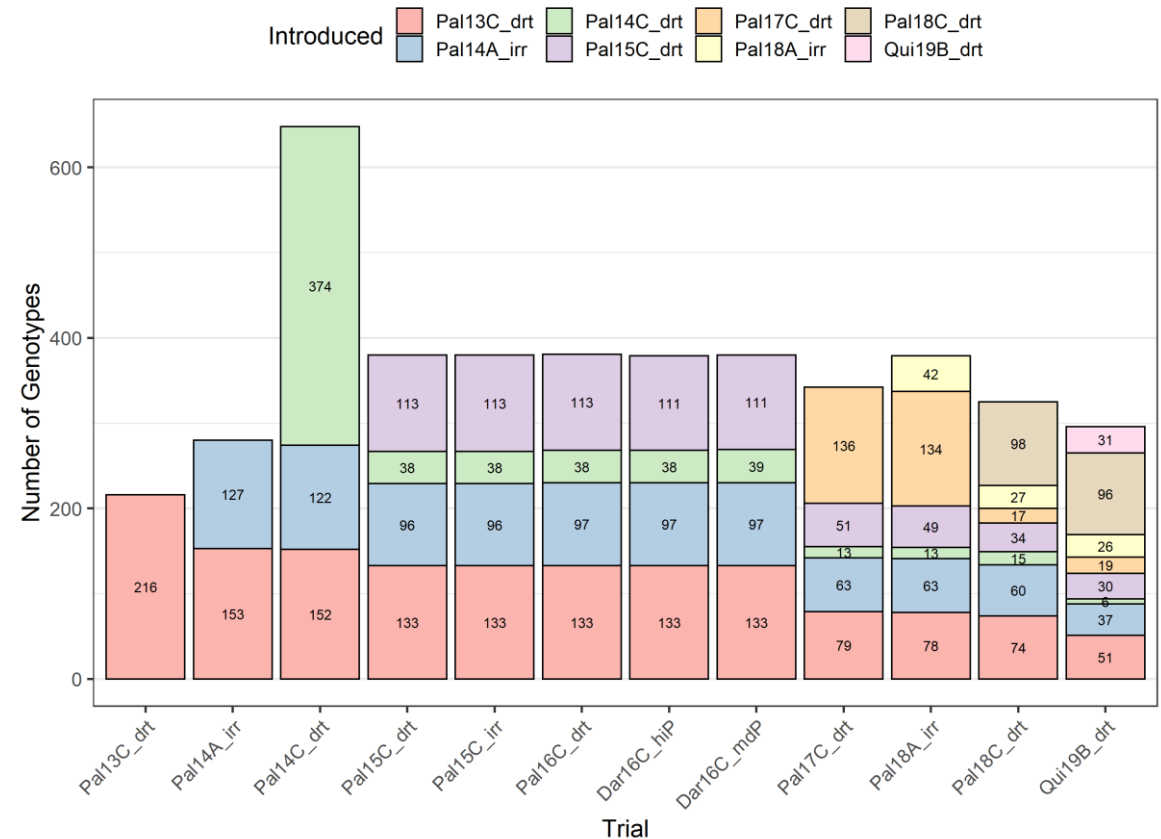
# En la práctica la mayoría de MET son desbalanceados.

Una **incompleta** clasificación genotipo-por-ambiente ocurre debido a:

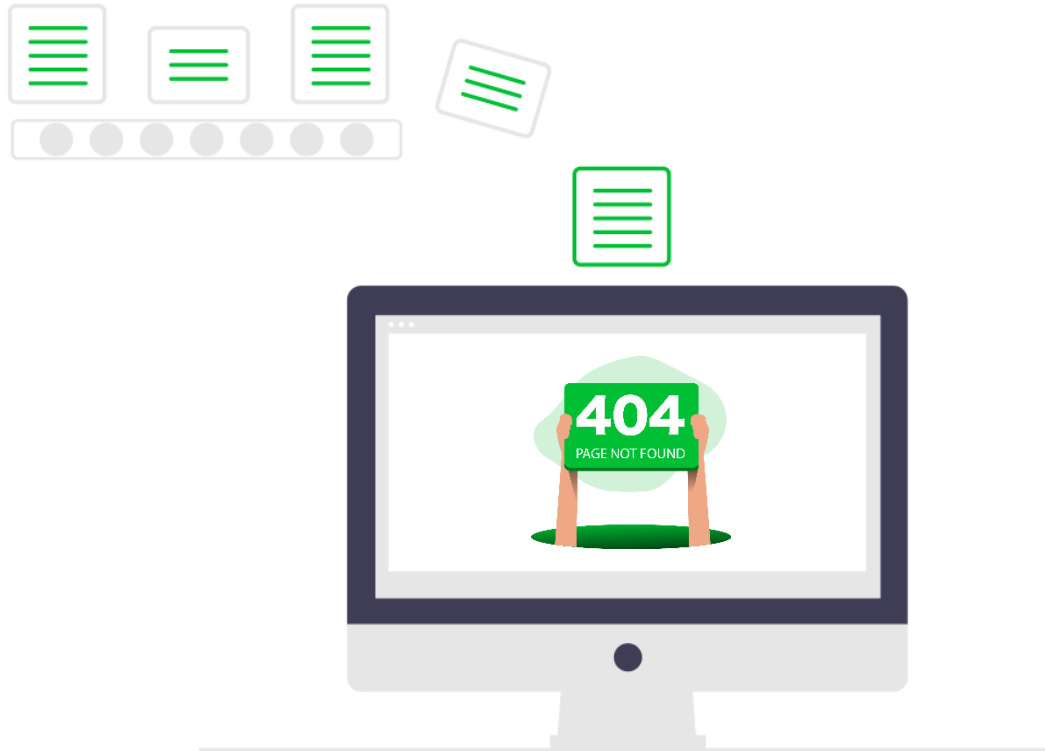


# En la práctica la mayoría de MET son desbalanceados.

Debido a la selección de genotipos **prometedores** y la **eliminación** del resto de los ensayos en el año siguiente, así como a la **adición** de nuevos genotipos o la prueba de solo una parte de todos los genotipos en ciertas ubicaciones.



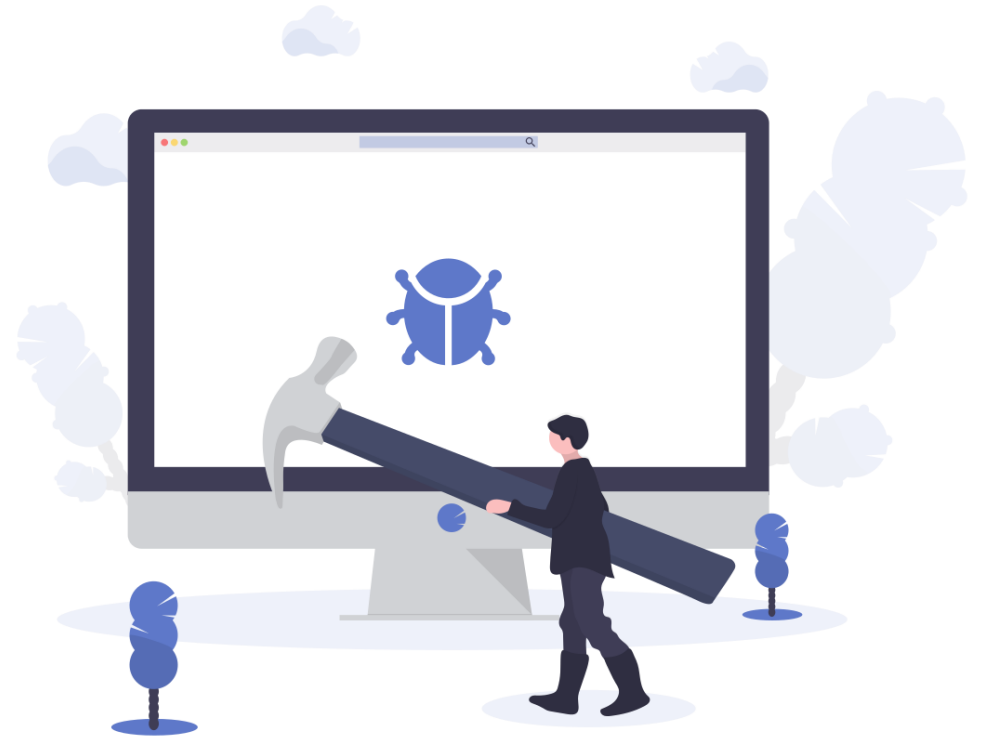
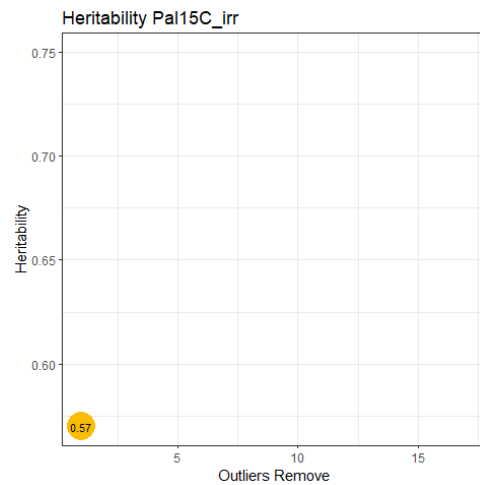
# Dificultades



La cantidad de datos puede ser grande lo cual genera **dificultades** en el ajuste y la convergencia.

# Dificultades

- Requiere chequeos previos adicionales (e.g. **EDA**, coding, etc.).



# Estrategia para ajustar modelos MET.

- Careful cleaning process (same factors, values, etc.).
- Empezar analizando cada sitio **individualmente** determinando los components necesarios (y significativos) datos extraños y efectos de diseño.



# Estrategia para ajustar modelos MET.

- Evaluar cuales sitio se consideran en el analisis combinado (sitios con **baja heredabilidad** contribuyen poco al ranking).
- Cuales **variables** o **factores** estarán a traves de todos los experimentos.
- Combinar todos los experimentos en un solo análisis
- Ir progresando **lentamente** en estructuras de varianza más complejas.

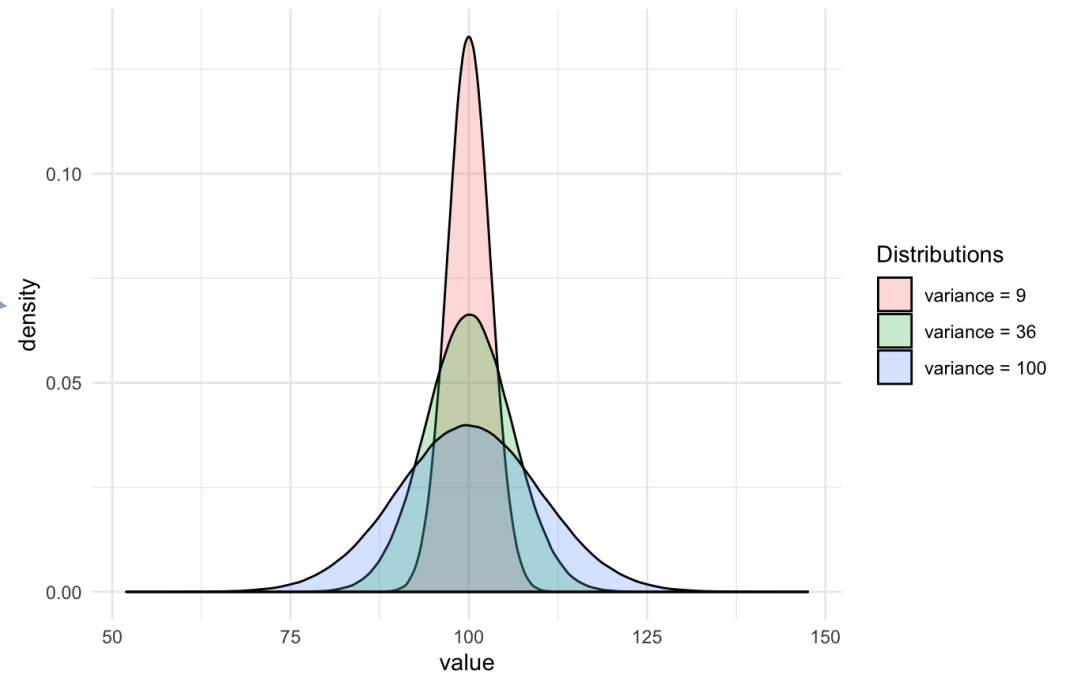




# Estructuras de Varianza y Covarianza

- Variance?
- Covariance?
- Correlation?

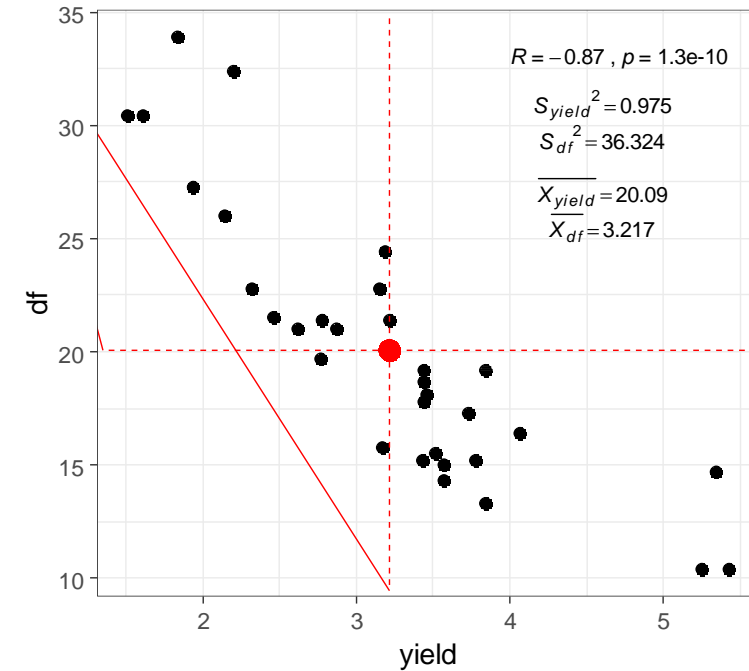
Normal distributions with different variances  
Mean = 100



# Estructuras de Varianza y Covarianza

$$\text{Cov}(X, Y) = \frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})$$

$$\text{Cor}(X, Y) = \frac{\text{Cov}(X, Y)}{\sqrt{S_X^2 \cdot S_Y^2}}$$



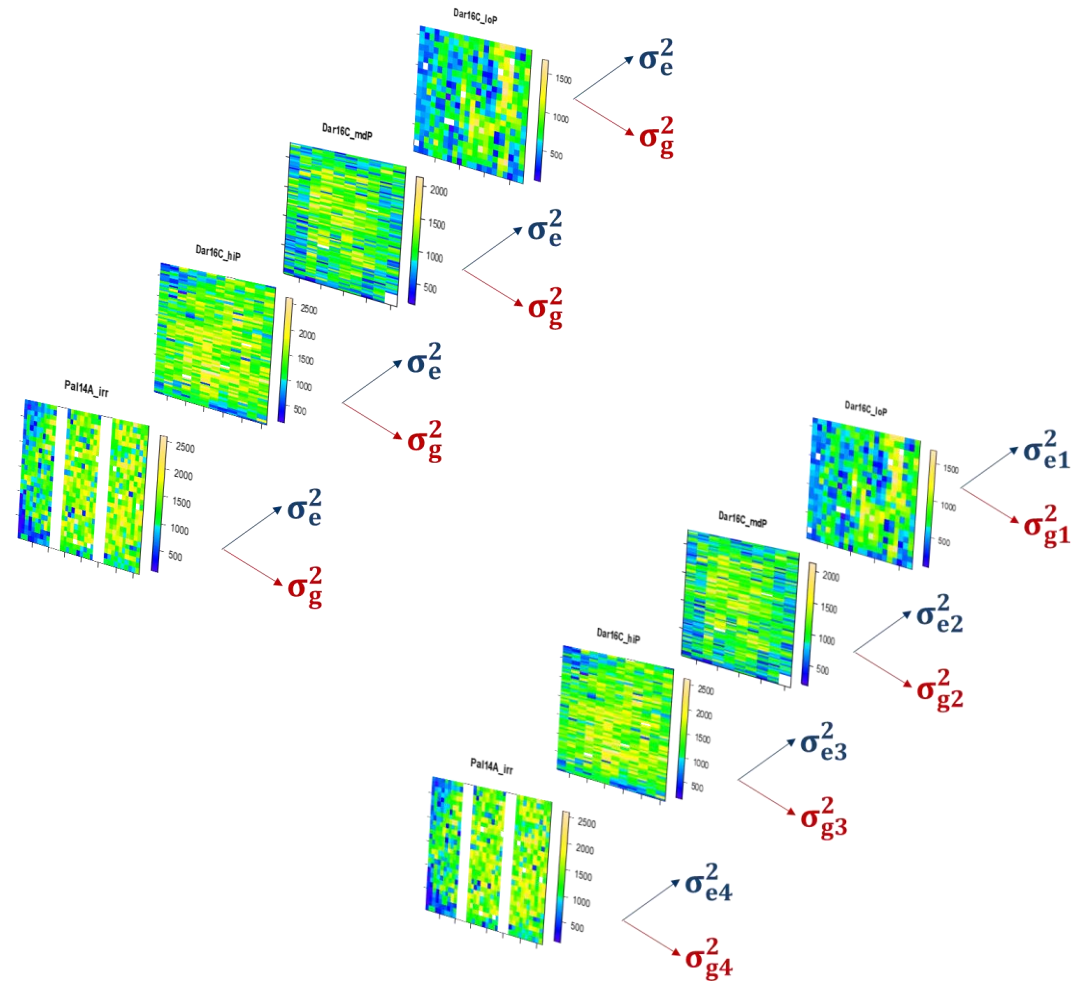
Covariance = 0 ?

# Estructuras de Varianza y Covarianza

id: identity

$$\sigma^2 \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma^2 \end{bmatrix}$$

Exp 3      Exp 4



diag: diagonal

$$\begin{bmatrix} \sigma_1^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_2^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_3^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

us: unstructured

$$\begin{bmatrix} \sigma_{11}^2 & \sigma_{12}^2 & \sigma_{13}^2 & \sigma_{14}^2 \\ \sigma_{12}^2 & \sigma_{22}^2 & \sigma_{23}^2 & \sigma_{24}^2 \\ \sigma_{13}^2 & \sigma_{23}^2 & \sigma_{33}^2 & \sigma_{34}^2 \\ \sigma_{14}^2 & \sigma_{24}^2 & \sigma_{34}^2 & \sigma_{44}^2 \end{bmatrix}$$

# Estructuras de Varianza y Covarianza

- El **número de parámetros** requeridos para ajustar un modelo multi-ambiental **incrementa más rápido** que el **número de ambientes**.
- Modelos más **parsimoniosos** son preferidos cuando el número de ambientes es grande.

**us:** unstructured

$$\begin{bmatrix} \sigma_{11}^2 & \sigma_{12}^2 & \sigma_{13}^2 & \sigma_{14}^2 \\ \sigma_{12}^2 & \sigma_{22}^2 & \sigma_{23}^2 & \sigma_{24}^2 \\ \sigma_{13}^2 & \sigma_{23}^2 & \sigma_{33}^2 & \sigma_{34}^2 \\ \sigma_{14}^2 & \sigma_{24}^2 & \sigma_{34}^2 & \sigma_{44}^2 \end{bmatrix}$$

# Estructuras de Varianza y Covarianza

- Las estructuras **Factor Analytic** frecuentemente pueden capturar el patrón **genotipo-por-ambiente** sin requerir extraordinaria complejidad del modelo.



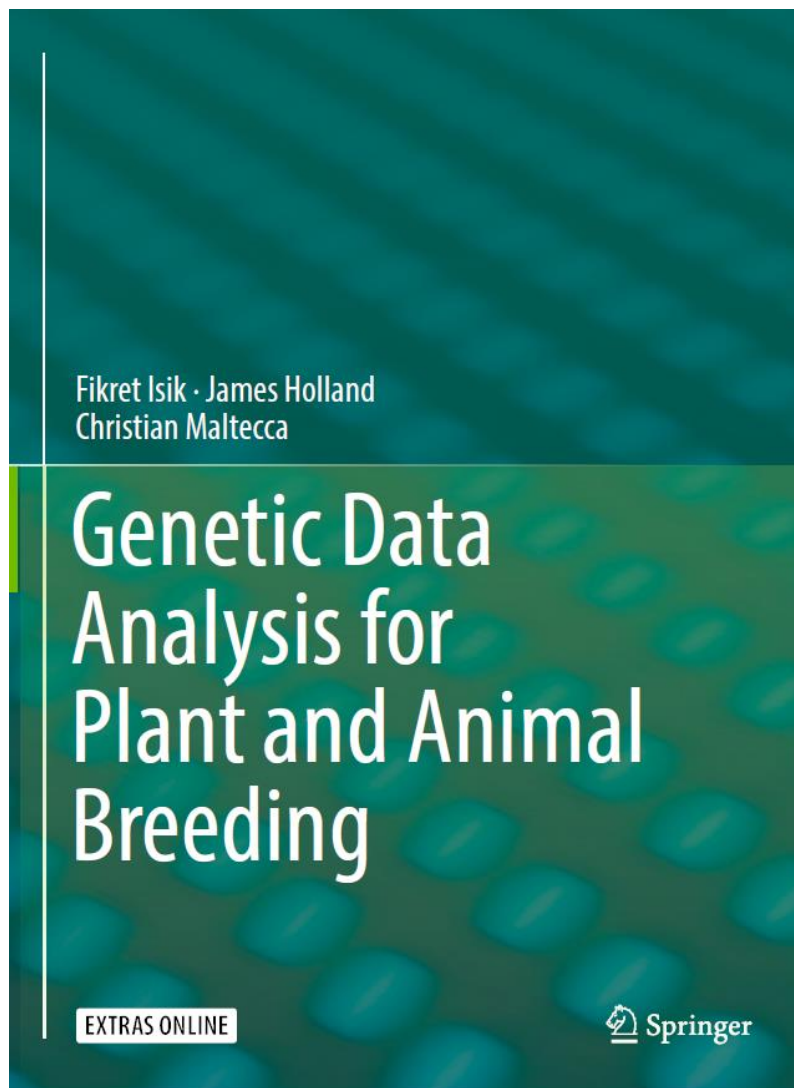
FA1: factor analytic 1

$$\begin{bmatrix} \lambda_{11}^2 + \Psi_1 & \lambda_{11}\lambda_{12} & \lambda_{11}\lambda_{13} & \lambda_{11}\lambda_{14} \\ \lambda_{11}\lambda_{12} & \lambda_{12}^2 + \Psi_2 & \lambda_{12}\lambda_{13} & \lambda_{12}\lambda_{14} \\ \lambda_{11}\lambda_{13} & \lambda_{12}\lambda_{13} & \lambda_{13}^2 + \Psi_3 & \lambda_{13}\lambda_{14} \\ \lambda_{11}\lambda_{14} & \lambda_{12}\lambda_{14} & \lambda_{13}\lambda_{14} & \lambda_{14}^2 + \Psi_4 \end{bmatrix}$$

≈

us: unstructured

$$\begin{bmatrix} \sigma_{11}^2 & \sigma_{12}^2 & \sigma_{13}^2 & \sigma_{14}^2 \\ \sigma_{12}^2 & \sigma_{22}^2 & \sigma_{23}^2 & \sigma_{24}^2 \\ \sigma_{13}^2 & \sigma_{23}^2 & \sigma_{33}^2 & \sigma_{34}^2 \\ \sigma_{14}^2 & \sigma_{24}^2 & \sigma_{34}^2 & \sigma_{44}^2 \end{bmatrix}$$



<https://www.springer.com/gp/book/9783319551753>

Alliance



Alliance



# Thank you!

**Johan Aparicio & Daniel Ariza-Suárez**  
Asistentes de Investigación

[j.aparicio@cgiar.org](mailto:j.aparicio@cgiar.org)  
[d.ariza@cgiar.org](mailto:d.ariza@cgiar.org)

