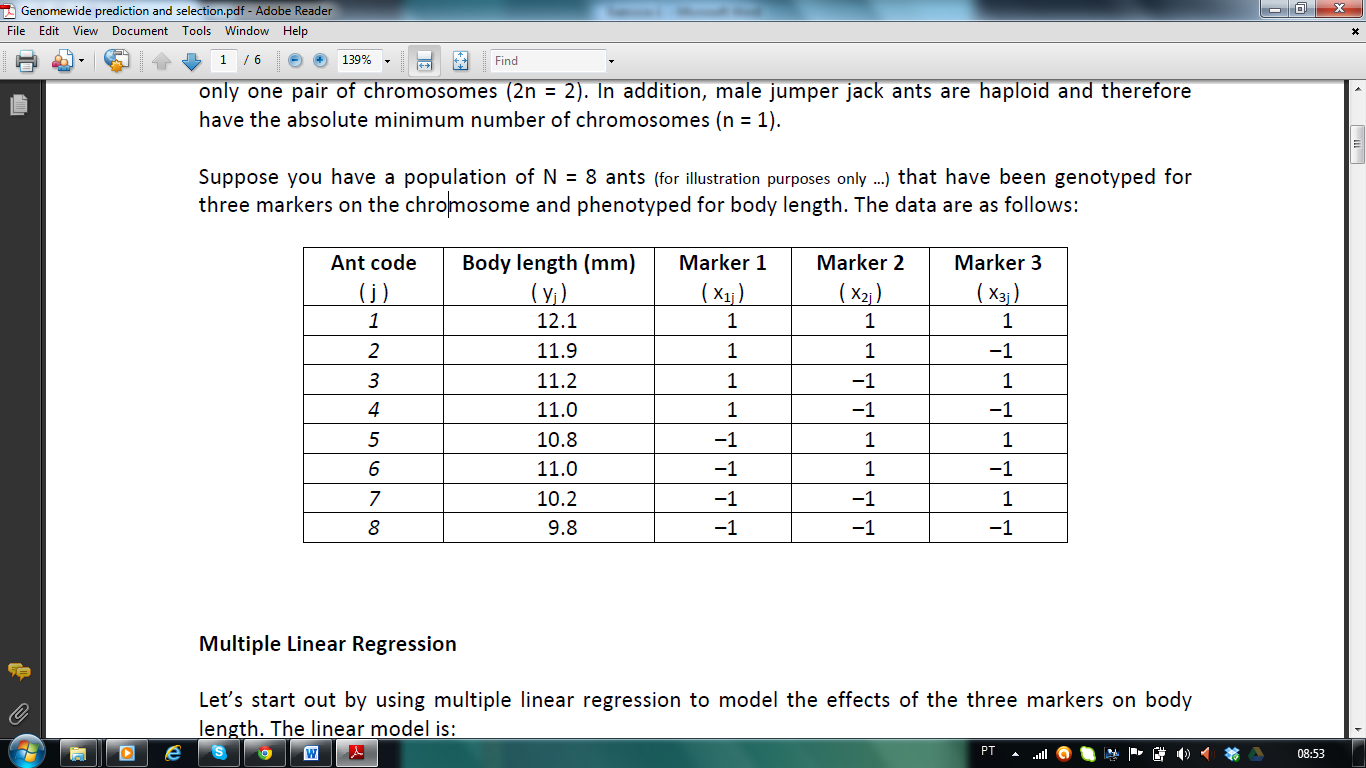
**Genome-wide Prediction and Selection:**

*Basic (but Important) Concepts*

Suponha que você tenha uma população de N = 8 formigas, as quais foram genotipadas usando três marcadores e fenotipadas para comprimento do corpo:



**Ridge‐Regression - Best Linear Unbiased Prediction (RR‐BLUP)**

O método RR‐BLUP é considerado o método mais usual na GWS. O método assume que o efeito de marcas como aleatório e explicando proporções iguais da variância genética. Neste modelo linear, há uma pequena diferença na notação:

O modelo linear misto “Y= 1bo +Zg +e” pode ser reescrito como:

A solução, descrita por Henderson, para estas equações é:

em que, VE/VA/n = Nmarcas(1 – h2)/h2 = λ

Os efeitos das marcas, neste exemplo, por meio do modelo RR‐BLUP, são obtidas por:

u = Σ yj / N =

m = Σ xj yj / Σ xj2 + λ

Assim, obtenha o efeito das três marcas considerando h2 = 0.75:

|  |  |
| --- | --- |
| Marca | Efeito |
| 1 |  |
| 2 |  |
| 3 |  |

λ=

u =

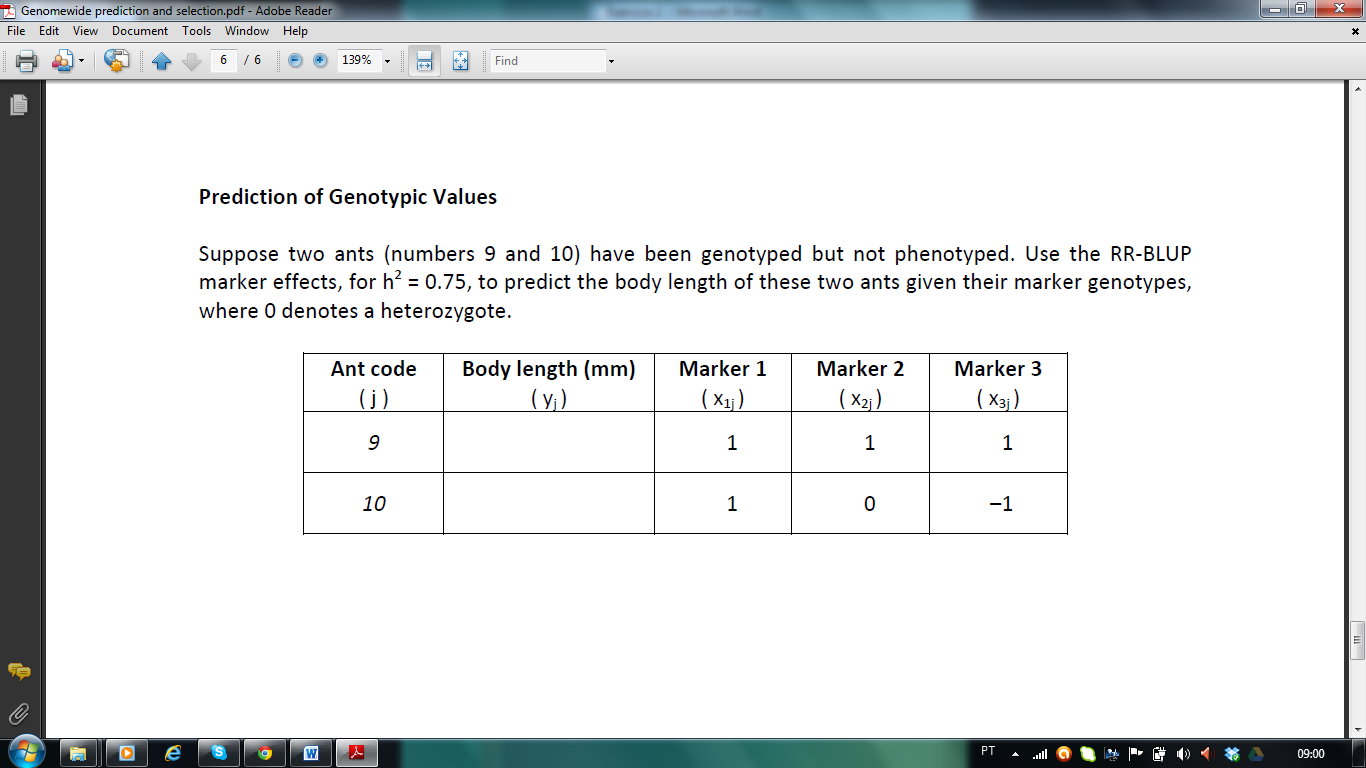
m1 =

m2 =

m3 =

**Predição de valores genotípicos**

Suponha mais duas formigas (números 9 e 10), as quais você também genotipou mas não fenotipou. Usando RR‐BLUP, faça a predição do comprimento do corpo para essas duas formigas baseado em seus genótipos. 0 significa heterozigoto.



Y= u+m1X1j+m2X2j+m3X3j

Como estimar a acurácia seletiva?