**LD 2**

1. Considerando o tamanho do genoma do milho (*L*: 2.4Gb; 1900cM), uma população base de Ne = 6, estime a densidade de marcadores na genotipagem ideal, sendo *S o espaçamento em cM*, para obter uma acurácia de 0.8.



R = 190.000

1. Considerando que o LD decay médio em milho é de 100Kb discuta o resultado.

R = 12.6 Kb

1. Considerando que LD = acurácia = 0.8 e admitindo a perda de apenas 10% do LD, sob uma taxa de recombinação média *c = 0,01 e 0.05 entre as marcas e os QTL*, estime quantas gerações será possível fazer seleção sob esta acurácia.

R =

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| t | Dt/Do | c |
| 10.48 | 0.90 | 1% |
| 2.05 | 0.90 | 5% |