

MÉTODOS PARA PREDICCIÓN Y SELECCIÓN GENÓMICA

INSTRUCTORES

Jose Luis Crossa, CIMMYT, México

Paulino Pérez Rodríguez, Department of Statistics and Computer Sciences, Colegio de Postgraduados, México

OBJETIVOS

- Revisar modelos estadísticos básicos usados en selección genómica.
- Mostrar la implementación de varios de los modelos en el paquete estadístico R y la librería de funciones BGLR (<https://cran.r-project.org/package=BGLR>).

CONTENIDOS

1. Introducción a R
2. Cálculo de relaciones genómicas y matrices de distancias usando marcadores.
3. Regresión Lineal usando BGLR (Estimación penalizada y métodos de selección de variables).

GBLUP y Alfabeto Bayesiano (BL, BA, BB, etc).
Estimación de efecto de marcadores.
Estimación de valores de cría usando marcadores.
4. Modelos semi-paramétricos para predicción (RKHS y RKHS-KA)
5. Modelos para interacción genotipo x ambiente

REQUISITOS

- Conocimiento básico de R y modelos lineales.
- Cada participante deberá traer su propia laptop con la última versión de R (<http://www.r-project.org>), y la librería BGLR instalada. La librería BGLR puede instalarse usando el siguiente comando en R:
`install.packages("BGLR")`