# Predicción de fenotipos y selección genómica utilizando redes neuronales

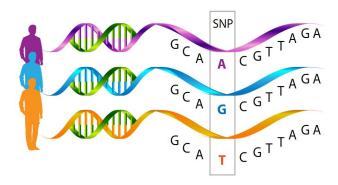
-Nathan Kosoi Lamont

## Introducción

Predicción de Fenotipos

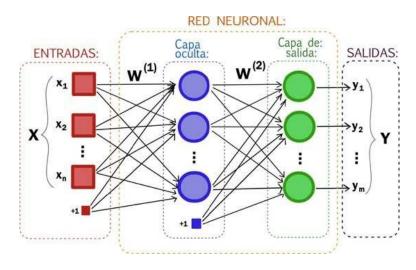


### Selección genómica



# Pregunta de Investigación

¿Son las redes neuronales modelos certeros para la predicción fenotípica utilizando información genética?





### **Datos**

Marcadores genéticos y medición fenotípica en tres especies distintas:

Maíz, Trigo, Arabidopsis

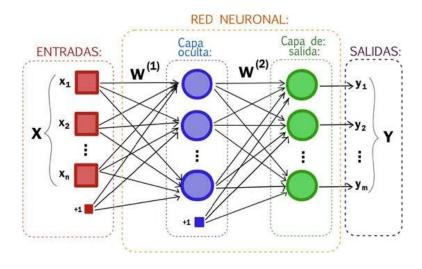






### Métodos

Red neuronal profunda, arquitectura feedforward, con Dropout y weight decay



# Resultados

| Especie     | Rasgo                 | EN | BRR | N  | NWDDO |
|-------------|-----------------------|----|-----|----|-------|
| Arabidopsis | Material Seco         | 42 | 39  | 38 | 40    |
| Arabidopsis | Floración             | 82 | 82  | 84 | 86    |
| Maíz        | Floración             | 33 | 32  | 33 | 33    |
| Maíz        | Rendimiento de Granos | 51 | 57  | 55 | 51    |
| Trigo       | Numero de Espigas     | 36 | 28  | 27 | 33    |

# Bibliografía

Riley McDowell. Genomic selection with deep neural networks,2016

Liu Y, Wang D, He F, Wang J, Joshi T, Xu D. Phenotype Prediction and Genome-Wide Association Study Using Deep Convolutional Neural Network of Soybean. Front Genet. 2019 Nov 22;10:1091. doi: 10.3389/fgene.2019.01091. PMID: 31824557; PMCID: PMC6883005.

Miles, C. and M. Wayne, 2008 Quantitative trait locus (QTL) analysis. Nature Education 1: 208.