

Estimação da herdabilidade

Gerardo C. Mamani

06/02/2018

Estimação da herdabilidade usando a Covariância ou a Regressão Progenie Pai (Pag. 183)
GMAB-USP

Offspring	Sire
230	150
280	200
250	170
180	190

```
pop<-read.table(header=T, text="offspring sire
230 150
280 200
250 170
180 190 ")
```

$$Cov_{OP} = \frac{\sum OP - \frac{\sum O \sum P}{N}}{N - 1}$$

```
N<-nrow(pop)
N
```

```
[1] 4
```

```
sumOP<-sum(offspring*sire)
sumOP
```

```
[1] 167200
```

```
sumO<-sum(offspring)
sumO
```

```
[1] 940
```

```
sumP<-sum(sire)
sumP
```

```
[1] 710
```

$$Cov_{OP} = \frac{167200 - \frac{940 \times 710}{4}}{4 - 1}$$

```
covop<- (sumOP-(sumO*sumP/N))/(N-1)
covop
```

```
[1] 116.6667
```

$$V_P = \frac{\sum P^2 - \frac{(\sum P)^2}{N}}{N - 1}$$

```
sum2P<-sum(sire^2)
sum2P
```

```
[1] 127500
```

```
sumP<-sum(sire)
sumP
```

```
[1] 710
```

```
VP<-(sum2P-(sumP^2/N))/(N-1)
VP
```

```
[1] 491.6667
```

$$b_{OP} = \frac{Cov_{OP}}{V_P}$$

$$b_{OP} = \frac{116.6667}{491.6667}$$

$$b_{OP} = 0.2372882$$

```
b0P<-covop/VP
b0P
```

```
[1] 0.2372881
```

Cálculo da herdabilidade

Usando a covariancia (cov_{OP})

$$Cov_{OP} = \frac{1}{2}V_A$$

$$V_A = 2Cov_{OP}$$

$$V_A = 2 \times 116.6667 = 233.3334$$

$$V_P = 491.6667$$

$$h^2 = \frac{V_A}{V_P} = \frac{233.333}{491.6667} = 0.4745756$$

Usando a regressão (b_{OP})

$$b_{OP} = \frac{Cov_{OP}}{V_P}$$

$$b_{OP} = \frac{116.6667}{491.6667} = 0.2372882$$

$$b_{OP} = \frac{\frac{1}{2}V_A}{V_P} = \frac{1}{2} \frac{V_A}{V_P} = \frac{1}{2}h^2$$

$$h^2 = 2b_{OP}$$

$$h^2 = 2 \times 0.2372882$$

$$h^2 = 0.47457$$