

Züchtungslehre - Übung 3

Peter von Rohr

2017-10-13

Aufgabe 1: Zuchtwert

Wir betrachten ein Merkmal, welches von einem Locus G mit zwei Allelen beeinflusst wird. Die Frequenz des positiven Allels beträgt 0.2. Wir nehmen an, dass für die Genotypfrequenzen das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht gilt. Der Unterschied zwischen den homozygoten Genotypen beträgt 15. Der heterozygote Genotyp hat einen genotypischen Wert von -1.5 .

- Berechnen Sie die Zuchtwerte und die Dominanzabweichungen für die drei Genotypen.
- Aufgrund der Selektion auf das positive Allele hat sich nach einer gewissen Zeit die Frequenz des positiven Allels auf 0.35 erhöht, wie verändert diese Erhöhung die Zuchtwerte der drei Genotypen?

Hinweis: Schauen Sie sich die Tabelle auf Seite 8 unten in den Unterlagen an.

Aufgabe 2: Allelsubstitution

Was bedeutet Allelsubstitution und wie gross ist sie für die in den Aufgaben 1a und 1b gegebenen Zahlen?

Aufgabe 3: Einlesen von Daten in R

Auf der Webseite der Vorlesung ist eine Datei im csv-Format unter

<https://charlotte-ngs.github.io/LBGHS2017/ex/w4/iris.csv> abgelegt. Lesen Sie dieses Datei mit dem Befehl `read.csv2` ein und testen Sie die Auswirkung, ob Sie beim Einlesen die Option `stringsAsFactors=FALSE` angeben oder nicht.

Hinweis: Sie können die csv-Datei zuerst herunterladen und auf Ihrem Rechner speichern und dann vom lokalen Dateisystem einlesen. Sie können aber auch den oben angegebenen URL direkt in der Funktion `read.csv2` verwenden. Mehr Informationen dazu gibt es unter `?read.csv2`.

Zusatzaufgabe: Plot in R

Stellen Sie die Werte in den Kolonnen `Sepal.Length` und `Petal.Length` des Datensatzes aus der Datei `iris.csv` in einem Diagramm dar. Der Plot sollte ungefähr wie folgt aussehen:

