

SelGen

Simulation et estimation de la précision de prédiction

Mardi 18.02.20

9h-10h : Rappels, description de la simulation et choix des paramètres

10h-10h15 : Constitution des groupes (4) et stratégies de simulation

10h30-12h : Simulations en groupes (à midi le code doit fonctionner pour les cas extrêmes)

pause midi

14h-14h30 : Préparation de la restitution

14h30-15h30 : Restitutions en groupes et discussions

15h45-17h : Présentation du jeu, constitution des groupes et établissement de la stratégie.

Paramètres de simulation :

nb génotypes : 300

1. Nombre de marqueurs : 100 - 250 - 1000 - **5000** - 10000 SNP

2.1 Nombre d'individus : 50 - 150 - 300 - 500 - 1000

2.2 Taille de la pop d'entraînement/ pop validation : 20/80 - 50/50 - **80/20** - 90/10

3. Architecture génétique : **infinitésimale** - 1 - 10 - 100 - 500 QTL

4. Structuration génétique des populations : **pas de structure** - faible - moyenne - forte
(paramètre mig.rates dans simulCoalescent = 100 / 10 / 0,5)

Pour tout le monde, faire varier l'héritabilité : 0,2 / 0,5 / 0,8

En gras les valeurs qui doivent être prises par les groupes qui ne font pas varier ces paramètres.

Conseils :

Partagez vous le travail une fois que le code fonctionne

Réfléchissez dès le début à la représentation graphique adaptée pour montrer les résultats

Commencez par simuler des cas extrêmes (h^2 élevé puis très faible) pour vérifier que la simulation est correcte.