

ASMNW - Übung 2

Peter von Rohr

2016-04-20

Kontrollfrage 1

Weshalb werden in Schritt 1 der genomischen Selektion geschätzte Zuchtwerte anstelle von phänotypischen Beobachtungen verwendet?

Kontrollfrage 2

Welche Eigenschaft der BLUP-Zuchtwerte führt zu der problematischen Reduktion der Varianz der geschätzten Zuchtwerte im Vergleich zur Varianz der phänotypischen Werte?

Kontrollfrage 3

Für Schritt 1 der genomischen Selektion wurden folgende Modelle angeschaut:

wahre Zuchtwerte	$\mathbf{g} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{M}\mathbf{a} + \epsilon$
phänotypische Beobachtungen	$\mathbf{y} = (\mathbf{1}\mu + \mathbf{X}\mathbf{b}) + \mathbf{M}\mathbf{a} + (\epsilon + \mathbf{e})$
geschätzte Zuchtwerte	$\hat{\mathbf{g}} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{M}\mathbf{a} + (\epsilon + (\hat{\mathbf{g}} - \mathbf{g}))$

1. Welche Struktur haben diese Modelle
2. Welche Parameterschätzmethode wird üblicherweise für diese Modelle verwendet
3. Wieso kann diese Parameterschätzmethode für die genomische Selektion nicht verwendet werden

Aufgabe 1: Schätzung der a-Werte aufgrund phänotypischer Leistungen

Der Datensatz `geno_sel_step1.csv` enthält phänotypische Werte in der Kolonne `bwt_sim`. Diese Werte wurden aufgrund von sechs genetischen Loci simuliert. Abgesehen von den genetischen Informationen gibt es auch noch zwei fixe Faktoren, welche mit `sex` und `age` bezeichnet sind. Alle Angaben sind in der gleichen Datei enthalten.

Ziel

Schätzen Sie für die sechs Loci die entsprechenden `a`-Werte.

Ihre Aufgaben

Da es sich nur um sechs Loci handelt, können die `a`-Werte mit einer Regression geschätzt werden. Folgende Schritte sollten zum Ziel führen.

1. Einlesen der Daten mit

```
dfGenoSelDat <- read.csv2(file = "http://charlotte-ngs.github.io/GELSAM/w10/geno_sel_step1.csv",  
                           stringsAsFactors = FALSE)
```

2. Lineare Regression mit funktion `lm()` wobei die phänotypischen Werte in Kolonne `bwt_sim` gespeichert sind.
3. Anzeige der Resultate mit Funktion `summary()`

Wie gross sind nun die **a**-Werte der sechs Loci?