

# Züchtungslehre – Übung 8

27. November 2015

## **Aufgabe 1**

Das Kopplungsungleichgewicht (Linkage Disequilibrium – LD) zwischen Marker und QTL ist eine wichtige Voraussetzung für populationsweite Assoziationsanalysen. Gegeben ist ein Datensatz von 224 Individuen, welche für 8 SNP Marker genotypisiert wurden. Der Datensatz ist in der Datei SNP\_LD.txt gespeichert. Der Datensatz kann hier <http://charlotte-ngs.github.io/LivestockBreedingAndGenomics/> unter weitere Materialien heruntergeladen werden. Mit diesem Datensatz sollen verschiedene LD-Berechnungen in R durchgeführt werden. Installieren Sie dazu die R-packages „LDheatmap“ und „genetics“.

Manual und Informationen zu den Packages gibt es hier:

<https://cran.r-project.org/web/packages/LDheatmap/LDheatmap.pdf>

<https://cran.r-project.org/web/packages/genetics/genetics.pdf>

Packages installieren:

```
install.packages("LDheatmap")
```

```
install.packages("genetics")
```

Packages laden:

```
library(LDheatmap)
```

```
library(genetics)
```

Lesen den Datensatz in R mit *read.table* ein. Jeder SNP ist mit zwei Allelen im Datensatz enthalten. Erstellen Sie mit dem Befehl „genotype“ ein Genotypenobjekt für jeden SNP: z.B.

```
snp1<-genotype(geno$Snp1_1,geno$Snp1_2)
```

....

Berechnen Sie das paarweise LD (D und  $r^2$ ) für SNP-Paare mit der Funktion LD:

```
LD(snp1,snp2)$"D"
```

```
LD(snp1,snp2)$"R^2"
```

```
LD(snp1,snp2)
```

Führen Sie die Genotypenobjekte aller SNP in ein data.frame zusammen und berechnen Sie das paarweise LD mit der Funktion LD auf das gesamte data.frame.

Stellen Sie das paarweise LD mittels „LDheatmap“ grafisch dar:

```
LDheatmap(data.frame)
```

## **Aufgabe 2**

Zehn SNP Marker sollen auf Assoziation mit einem Merkmal getestet werden. 325 Individuen wurden für diese 10 SNP Marker genotypisiert. Die Phänotypen befinden sich in der Datei `yvec.txt`. Die Datei `xmatrix.txt` enthält die Designmatrix der SNP-Genotypen und `map_markers.txt` enthält die Position der Marker im Genom. Die Dateien können hier downgeloaded werden: <http://charlotte-ngs.github.io/LivestockBreedingAndGenomics/>

Lesen Sie alle Dateien mit `read.table` in R ein. Testen Sie den Einfluss eines jeden SNP auf den Phänotyp mittels Single-SNP Regression (*lm*). Welcher SNP weist den grössten Effekt auf? Welcher SNP hat einen signifikanten Einfluss (p-Werte!)?