

# 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 mit den Zuchtwerten 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:

