

Linia  $BALB/cByJ$   
(A)

$C57BL/6ByJ$   
(B)

Przykładowy genotyp  
microsatelitarny



F1 Wszystkie osobniki mają  
genotyp H

F2

Mozliwe genotypy:

66 ← innych genotypów linii A

68 ← genotyp H

88 ← genotyp linii B

## Zadanie 1

Zapoznaj się z  
danych "listenie\_gen.csv"

- (a) Jakie linii genów posiedle osobnik ID=120 u locus D1M3?
- (b) Ile markerów genetycznych obserwujemy na chromosomie 4?
- (c) Jakkie są pozyje markerów na chromosomie 4?
- (d) Ile wynosi odległość genetyczna (cM) między markerem Z oraz 3 na chromosomie 4?
- (e) Oblicz współczynnik rekombinacji między tymi markerami wg. Haldane'a, a także wg Kosenkiewicza.
- (f) Ile myszy zgenotypowano?

Haldane (1919)

$$x = \begin{cases} -\frac{1}{2} \ln(1-2r) & \text{dla } 0 \leq r \leq \frac{1}{2} \\ \infty & \text{dla } r > \frac{1}{2} \end{cases}$$

$$r = \frac{1}{2} [1 - \exp(-2|x|)]$$

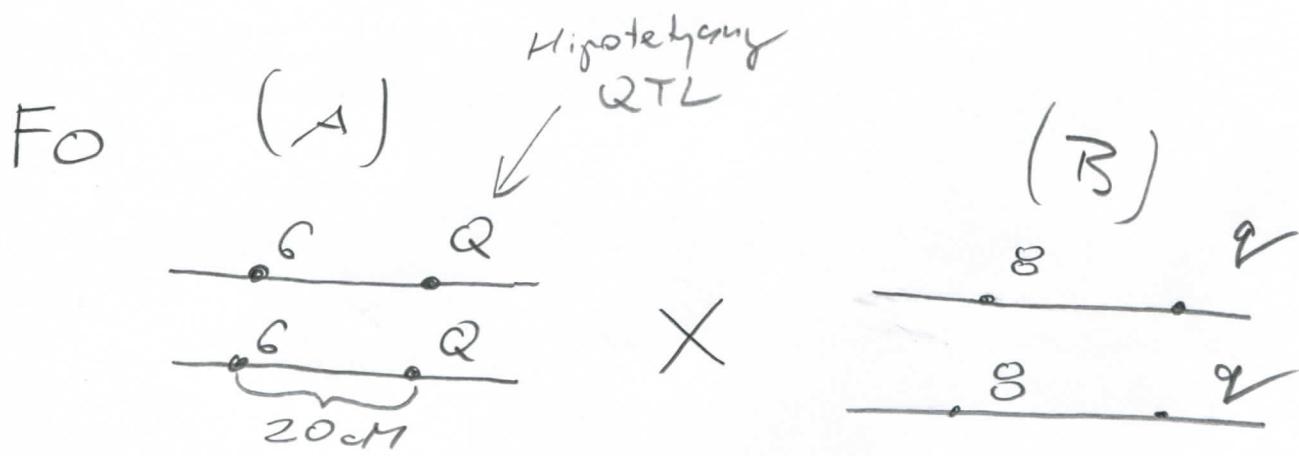
Kose-Li (1944)

$$x = \frac{1}{4} \ln \frac{1+2r}{1-2r}$$

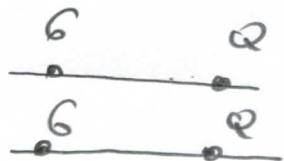
$$r = \frac{1}{2} \frac{\exp(4x) - 1}{\exp(4x) + 1}$$

$x$  = liczba Morganów

$r$  = współczynnik rekombinacji



F<sub>2</sub>



$$P(QQ | GG) = (1-r)^2$$

Hipotezy ges odpowiadająca  
listniowym umieszczeniom 20 cM od  
markera. Jeżeli mamy 2 pokolenia  
F2 ma genotyp GG, to prawdopodobieństwo  
genotypu QQ wynosi  $(1-r)^2$ .

Zadanie 2

Podaj:

$$P(QQ | Gg) = ?$$

$$P(qg | Gg) = ?$$

Zadanie 3)

Zapoznaj się  
z danymi "listenie\_phe.csv"

- (a) Jle mysek przyleżało do 264 godzin?
- (b) Jaki był średni czas przebycia all mysek, które nie przebyły do 264 godzin? Jaki był ich wariancja?
- (c) Narysuj histogram dla czasu przebycia ( $< 264$  h). Czy rozkład jest normalny? Jaki uprzejmieść rozkład cedy - logantoskowe?

Zadanie 4

(a) Przypuszczyj, że średni czas przejścia wynosi 106 dni a wariancja wynosi 400 dni. Faktów jest pseudopodobieństwo związane z myślą, które przejdzie 110 dni. Dla wykrycia przepisuj się, że wartość całk. jest mniejsza od 0,05.

$$f(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}$$

(b) Za obserwujemy myślę, która przejdzie 110 dni. Który z poniższych rozkładów (modeli) jest najbardziej vienagodny o świetle tej informacji.

(i)  $X \sim N(106, 400)$

(ii)  $X \sim N(106, 200)$

(iii)  $X \sim N(109, 200)$

### Zadanie 5

Mysz = genotypem

QQ przejde 100 dni, natomiast

qq przejde 112 dni.

(a) Jaka jest wiarygodność modelu,  
który mówi, że czas przejścia  
dla myszy QQ ma rozkład  $\sim N(100)$

$\sim N(100, 400)$ , a dla myszy  
qq ma rozkład  $\sim N(112, 400)$ ?

(b) Jaka jest wiarygodność modelu,  
który nie rozróżnia genotypów  
i zauważ, że dla wszystkich myszek  
 $\sim N(106, 400)$

(c) Jaki jest iloraz wiarygodności  
dla dwóch powyższych modeli, ten  
dla modelu ( $\mu_{QQ} = 100, \mu_{qq} = 112, \sigma^2 = 400$ )  
i modelu ( $\mu_{QQ} = \mu_{qq} = 106, \sigma^2 = 400$ )?

(d) Ile wynosi logarytm-powięszenia  
ilorazu wiarygodności?

## Zadanie 6

Przypuszczać, że obserwują się następujące wyniki.

	Genotyp		
	QQ	Qq	qq
Myszki pacieli	80	120	60
Przewijy	20	100	70

- (a) Przypuszczać, że prawdopodobieństwo  
 przedzielić genotyp QQ wynosi  $P_{QQ} = 0,20$ ,  
 w genotyp Qq  $P_{Qq} = 0,45$ , natomiast  
 w genotypie qq  $P_{qq} = 0,35$ . Jaka jest  
 wiarygodność takiego modelu w  
 świetle danych z tabeli?
- (b) Jaka jest wiarygodność modelu,  
 w którym  $P_{QQ} = P_{Qq} = P_{qq} = 0,412$ ?
- (c) Oblicz iloraz wiarygodności dla hybrydowej  
 modeli, oraz LOD score  
 wylicz log<sub>10</sub> z ilorazu wiarygodności

Binomial Benennung

$$f(k, np) = \binom{n}{k} p^k (1-p)^{n-k}$$

$$\binom{n}{k} = \frac{n!}{k!(n-k)!}$$

Probabilität als Wahrscheinlichkeit  
verstehen

$$N(np, np(1-p))$$