

Kodused ülesanded (sügis 2009)

Ülesanne 1. (0,5p) Missugune võiks olla *HbA* ja *HbS* korral (tervetel *versus* sirpaneemia-haigetel) DNA erinevus?

Ülesanne 2. (1p) Arvutage, millised on tõenäosused, et heterosügootsete pruunisilmsete vanemate kahest lapsest a) mõlemad on pruunisilmsed; b) mõlemad on sinisilmsed; c) üks on pruuni-, teine sinisilmne.

Ülesanne 3. (1p) Alleelijaotuse leidmine genotüübijaotusest – tuletada suurima tõepära hinnangud vahetult alleelisageduste p_1, \dots, p_k jaoks.

Ülesanne 4. (1p) Populatsioonis on 120 punasekirjut ja 1225 mustakirjut veist, viimastest omakorda 890 on punase geeni kandjad.

a) Milline on erinevate genotüüpide ja alleelide sagedus selles populatsioonis?

b) Mitu punasekirjut vasikat peaks sündima järgmises põlvkonnas, kui populatsioon on geneetilises tasakaalus ja populatsiooni maht jääb samaks?

Ülesanne 5. (1,5p) Veiste veregruppide EAF-süsteem.

Veiste veregruppide EAF-lookuses on 2 alleeli – '01' ja '02', mis defineerivad 3 erinevat geno- ja fenotüüpi. Eesti punast tõugu veiste populatsioonist valiti 40 looma ja määrati nende veregruppid nimetatud lookuse osas. Fenotüüpide kordsused valimis on $N_{01/01} = 13$, $N_{01/02} = 23$, $N_{02/02} = 4$.

Kas populatsioon on HW tasakaalus?

Ülesanne 6. (1p) Kirjutada välja Markovi ahela üleminekutõenäosuste maatriks dialleelisel juhul isetolmlemise korral ning leida, mitmendas põlvkonnas (sh lähtepõlvkonnas) tekib puhasliin.

Ülesanne 7. (2,5p) Tõuisast (homosügootne soovitud geenivariandi suhtes) ristatakse algul juhusliku emasega (võite kas läbi mängida kõikvõimalikud emase indiviidi genotüübid – 3 tk, või eeldada, et emase valikul võib kõiki genotüüpe esineda võrdse tõenäosusega; viimane variant teeb muidugi valemid keerulisemaks), siis sellest ristamisest sündinud tütreaga jne, iga kord viimasest ristamisest sündinud tütreaga. Eeldame dialleelset lookust.

a) Kas tekib puhasliin?

b) Kui tekib, siis kui mitme põlvkonna pärast on puhasliini tõenäosus $\geq 0,8$?

Ülesanne 8. (1p) Leida loengukonspektis joonisel 1.14 kujutatud sugupuu põhjal vaaraode Thutmosis III ja Amenhotep I inbriidingukoefitsiendid.

Ülesanne 9. (1,5p) Genotüübi olulises osas on 1000 lookust. Oletame, et igas lookuses võib tõenäosusega q esineda retsessiivne geneetiline defekti põhjustav alleel. Panmiktilises populatsioonis on defektse indiviidi sündimise tõenäosus 0,01. Kui suur on selles populatsioonis defekti tõenäosus indiviidil, kelle vanemad on õde ja vend.

Ülesanne 10. (2,5p)

a) Veenduda, et maatriks **H** rahuldab reparametriseerimistingimusi (2.9) ja (2.10) ning kehtib võrdus (2.5).

b) Uurida, kuidas muutuvad tulemused ja mudel, kui jätta ära parameeter $D_{12_{21}}$, mis on võrdne parameetriga $D_{12_{21}}$.

c) Leida parameetrite väärtused valemi (2.8) alusel, kasutades mudeli alternatiivset ja näiteks statistikapaketis SAS kasutatavat reparametriseerimist – viimase kohaselt kitsendatakse plaanimaatriksit, jättes sealt välja iga faktori viimasele tasemele vastavad veerud ja ka kõik ülejäänud lineaarselt sõltuvad veerud (mis läbi ka vastavad faktorite tasemete väärtused võrdsustatakse 0-ga) ning lahendatakse võrrand kitsendatud plaanimaatriksi abil vaid mittenuulliliste parameetrite suhtes – ning veenduda, et ka sel juhul kehtib võrdus (2.5).

Ülesanne 11. (1p) Tunnuse päritavuskoeffitsient $h^2 = 0,7$. Tõuvanemad (mõlemad) valitakse alati populatsiooni keskmisest 0,2 võrra paremad. Mitu põlvkonda on vaja, et näitaja väärtus suureneks 1 ühiku võrra?

Ülesanne 12. (2,5p)

Kahte isast ristatakse kumbagi 3 emasega ja igast ristamisest saadakse 6 järglast. Tunnuse y mõõtmine järglastel andis järgmises tabelis toodud tulemused.

a) Hinda tunnuse y päritavuskoeffitsienti h^2 .

b) Kas isa mõju on statistiliselt oluline?

isa	ema	y	isa	ema	y	isa	ema	y	isa	ema	y
1	1	13	1	2	21	2	1	14	2	2	17
1	1	17	1	2	21	2	1	18	2	2	14
1	1	15	1	2	25	2	1	15	2	2	18
1	1	19	1	3	16	2	1	19	2	3	13
1	1	17	1	3	20	2	1	16	2	3	17
1	1	21	1	3	16	2	1	20	2	3	14
1	2	13	1	3	20	2	2	12	2	3	18
1	2	17	1	3	16	2	2	16	2	3	15
1	2	17	1	3	20	2	2	13	2	3	19

PS. Enne ülesande lahendamist lugege läbi ka peatüki 2.3.2 modelleerimist ja selle tulemusi kirjeldav osa ... (üks praktikas kasutatav variant dispersioonanalüüsiga saadud negatiivse dispersioonikomponendi puhul on lugeda vastav parameeter võrdseks nulliga).

PS2. Soovi korral võite andmetabeli Exceli failina alla laadida aadressilt

http://www.emu.ee/~ktanel/MTMS_02_007/anova_andmed.xls.

Ülesanne 13. (2p)

a) Sarnaselt valemitele (2.25) ja (2.26) tuletada selektsiooniindeks hindamaks isale aretusväärtust tema järglaste keskmise fenotüübiväärtuse alusel.

b) Näidata, et kui isa järglaste arv $n \rightarrow \infty$, siis selektsiooniindeksi kordaja $b \rightarrow 2$, andes tulemuseks aretusväärtuse definitsiooni (2.14).

c) Pulli Elroi 25 tütre keskmine 1. laktatsiooni rasvatoodang on 200 kg. Vastav karja keskmine näitaja on 230 kg ja rasvatoodangu päritavus 0,3. Leidke pulli aretusväärtus. Kui suur see on võrreldes tema tulevastele tütardele prognoositud aretusväärtusega $\hat{A}_* = -20,1$ kg? Miks?

Ülesanne 14. (1p) Hinnake kõrvaloleva fülogeneesipuu baasil ürituste arvu x_3 eeldades, et liikide 1 kuni 5 vahelised ürituste arvud x_{ij} , $i, j = 1, \dots, 5$ on teada:

x_{12}	x_{13}	x_{14}	x_{15}	x_{23}	x_{24}	x_{25}	x_{34}	x_{35}	x_{45}
2	3	1	5	4	4	6	1	3	3

