

Biometrische Aspekte der Genomanalyse II

Gertraude Freyer
Karl-Ernst Biebler
(Editoren)

Arbeitsgruppe Populationsgenetik und Genomanalyse
in der Deutschen Region der Internationalen Biometrischen Gesellschaft

Beiträge zum 6. Workshop

Schloss Rauschholzhausen, am 14. und 15. Februar 2005

Biometrie und Medizinische Informatik
Greifswalder Seminarberichte

Gertraude Freyer / Karl-Ernst Biebler (Ed.)

Biometrische Aspekte der Genomanalyse II

Shaker Verlag
Aachen 2004

Bibliografische Information der Deutschen Bibliothek

Die Deutsche Bibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.ddb.de> abrufbar.

Copyright Shaker Verlag 2004

Alle Rechte, auch das des auszugsweisen Nachdruckes, der auszugsweisen oder vollständigen Wiedergabe, der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen und der Übersetzung, vorbehalten.

Printed in Germany.

ISBN 3-8322-3529-9

ISSN 1439-5320

Shaker Verlag GmbH • Postfach 101818 • 52018 Aachen

Telefon: 02407 / 95 96 - 0 • Telefax: 02407 / 95 96 - 9

Internet: www.shaker.de • eMail: info@shaker.de

Vorwort

Mit der Tagung am 14. und 15. Februar 1994 wurde die Tradition der Arbeitsgruppe Populationsgenetik und Genomanalyse in der Deutschen Region der Internationalen Biometrischen Gesellschaft von Professor Henner Simianer begründet. Das Schloß Rauischholzhausen hat als Tagungsort wegen seiner zentralen Lage in Deutschland von Anfang an Akzeptanz gefunden. Wir sind der Justus-Liebig-Universität Giessen dankbar, daß sie uns ihre Tagungsstätte wiederum zur Verfügung gestellt hat.

Das Anliegen des ersten Workshops unter dem Titel „Biometrische Probleme der Genomanalyse“ war der Austausch zwischen den Biometrikern, die in verschiedenen genetisch-orientierten Arbeitsrichtungen in Deutschland und angrenzenden Ländern tätig sind. Inhaltlich bot dieser erste Workshop eine große Vielfalt sowohl methodischer als auch anwendungsbezogener Beiträge, insbesondere aus der Tier- und Pflanzengenetik.

Die vor 11 Jahren im Ergebnis der ersten Tagung angestrebte Kontinuität in der regelmäßigen Durchführung künftiger Veranstaltungen im Zwei-Jahres-Turnus unter der Thematik ‚Biometrische Aspekte der Genomanalyse‘ konnte realisiert werden, wobei sich inzwischen ein relativ fester Teilnehmerkreis herausbildete. Dazu hat wohl auch der zweite Workshop im Februar 1996, der im Heft 2 der vorliegenden Schriftenreihe veröffentlicht wurde, in besonderer Weise beigetragen. Es findet insbesondere eine deutliche Orientierung auf methodische Arbeiten statt, wobei die Humangenetik ab dem dritten Workshop zunehmend stark vertreten ist. Zu erwähnen ist in diesem Zusammenhang, dass die Arbeitsgruppe seit dem Jahr 2000 dank der Initiativen von Professor Heike Bickeböller auch Mitglied der Deutschen Arbeitsgemeinschaft für Epidemiologie (DAE) ist.

Im nächsten Workshop werden wir erstmals genetisch orientierte Beiträge aus der ökologischen Forschung im Programm haben und diskutieren. Sowohl in diesen als auch in den Beiträgen aus der Populationsgenetik wird die Biodiversität bzw. deren Messung eine große Rolle spielen. Die Analyse von Genotyp-Phänotyp-Beziehungen ist ebenfalls von zentralem Interesse. Diese Schwerpunkte stehen inhaltlich im Einklang mit der Vorstellung spezifischer Applikationen zur Kopplungsanalyse. Das Programm erzeugte bereits ein erneut wachsendes Interesse an unserer Arbeitsgruppe und verspricht eine insgesamt homogene und doch sehr abwechslungsreiche Veranstaltung.

Dummerstorf und Greifswald, im Dezember 2004

Gertraude Freyer
Karl-Ernst Biebler

Inhaltsverzeichnis

Session	Leitung	
Beitrag		Seite
Eröffnung	Henner Simianer	
QTL (fine) mapping using variance components models for multi-trait, longitudinal and non-normal data M. S. Lund, P. Sørensen, R. Labouriau		1
Populationsgenetik	Thomas F. Wienker	
Efficient genotype-and haplotype samplers for complex pedigrees and multiple linked loci using descent graphs C. Stricker, R. L. Fernando		17
Populationsgenetische Untersuchungen auf Grundlage der Epistatic Kinship C. Flury, H. Simianer		29
From single genes to chromosome segments: an extended quantitative genetic approach H. Simianer, C. Flury, M. Tietze, H. Täubert		41
Freie Beiträge	Christian Stricker	
Analyse von Genotyp-Phänotyp-Beziehungen für komplexe Eigenschaften K. Köpke		57
Support Vektor Maschinen - ein geeignetes Hilfsmittel bei der Analyse von Genotyp-Phänotyp Beziehungen? U. Malzahn		63
Empirische p-Werte durch Simulationsverfahren C. Windemuth, T. F. Wienker		75
Die sequentielle Schätzung des Parameters p der Binomialverteilung, ihre Eigenschaften und ihre Anwendung als neue Schätzmethode für Allelfrequenzen Teil 1: Theoretische Grundlagen K.-E. Biebler, B. P. Jäger, P. E. Rudolph		81
Teil 2: Einfachste Erbmodelle B. P. Jäger, K.-E. Biebler, P. E. Rudolph		93

Session	Leitung	
Beitrag		Seite
Humangenetik	Inke König	
Geschlechtsspezifische Kopplungsanalyse mit Genehunter J. Dietter, K. Lenzen, T. Sander, T. F. Wienker, K. Strauch		107
MOD-Score Analyse bei Affected Sib Pairs M. Mattheisen, K. Strauch		113
SDMinP – A simple program for adjusting the multiple type I error M. Obreiter, L. Beckmann, C. Fischer, J. Chang-Claude		121
Tests for association in case-control studies correcting for population stratification (Abstract) K. Köhler, H. Bickeböller		129
Genetik in der ökologischen Forschung	Mirko Liesebach	
Schätzungen zum Genfluss durch Pollen in einem Eichenbestand H. Liesebach, F. Scholz		131
Räumlich-genetische Analyse mit Gruppierungsmethoden (Abstrakt) H.-R. Gregorius, E. Gillet, D. Kownatzki		139
Pollen vermittelter Genfluss in realen Landschaften R. Bialozyt, O. Jakoby		141
Von der Buchstabensuppe zum annotierten Genom: Mensch vs. Maschine im Falle des Populus-Chloroplasten-Genoms B. Heinze, S. P. DiFazio, G. A. Tuskan		149
Danksagung		155
Über die Arbeitsgruppe		157