

## Einladung

zu einem Vortrag von

### Prof. Dieter Rasch

Institut für Statistik und EDV, Boku

im Rahmen unseres Biometrischen Seminars

Donnerstag, 18. Jänner 2007, 16:00 Uhr  
Besprechungsraum/Schwackhöfer-Haus (Dachgeschoss, 03/105)  
1190 Wien, Peter-Jordan-Straße 82

(bitte orientieren Sie sich mit Hilfe der Pläne in <http://www.rali.boku.ac.at/statedv.html>)

### Wie viele Individuen benötigt man zur Schätzung populationsgenetischer Parameter?

**Zusammenfassung:** Die Methode der Schätzung populationsgenetischer Parameter hängt von der Verwandtschaftsstruktur der Individuen ab. Sie ist bei einer Vollgeschwisterstruktur anders als bei einer Halbgeschwisterstruktur (Schweinezucht) oder als bei Töchter-Mütterpaaren (Rinderzucht).

Damit kann es sich um Varianz- und Kovarianzkomponentenschätzung oder um die Regressionsanalyse handeln. Es wird gezeigt, wie man einfach mit einem Programmpaket die Anzahl von Individuen berechnen kann, die man braucht, um ein Konfidenzintervall zu konstruieren, das bei gegebenem Konfidenzkoeffizienten eine erwartete Breite hat, die unter einer vorhergegebenen Schranke liegt. Das Programm wird zur Schätzung von Heritabilitätskoeffizienten und von genetischen Korrelationskoeffizienten demonstriert.

**Literatur:** Rasch und Herrendörfer (1990): *Populationsgenetik und Züchtungsbiologie*.

Harald Strelec