

Estimering av mutasjonsrater

Masteroppgave Biostatistikk, KBM

Veileder Thore Egeland

Dersom det ikke er samsvar mellom barn og foreldre for en genetisk markør, kan det skyldes en mutasjon. Kunnskap om hvor ofte mutasjoner forekommer er viktig i mange genetiske anvendelser. Ett sentralt eksempel er farskapstester i rettsgenetikk. Denne oppgaven baserer seg på et datamateriale bestående av mer enn 100,000 observasjoner og gir dermed gode muligheter for å undersøke mange interessante hypoteser. Det er imidlertid et problem at *skjulte mutasjoner* forekommer. Slike mutasjoner observeres ikke fordi de er forenlige med den antatte familierelasjonen. Dermed blir anslaget for mutasjonsratene basert på konvensjonelle metoder for lave. I denne metoden skal statistiske modeller som korrigerer for dette problemet studeres.

Hvor mange arter finnes det?

Masteroppgave Biostatistikk, KBM

Veileder Thore Egeland

Tittelen på denne oppgaven beskriver et statistisk problem som dukker opp i mange forkledninger og mange anvendelser. En dagligdags variant er følgende: Anta at et tilfeldig utvalg av 20 NMBU studenter består av 14 nordmenn, 2 dansker, 2 svensker, 1 kenyaner og 1 pakistaner. Kan vi utfra dette (eller gjerne et større utvalg) anslå hvor mange nasjonaliteter som er representert på NMBU? En klassisk biologisk variant av det samme grunnproblemet er å estimere hvor mange arter som finnes, men som ennå ikke er observert. Denne oppgaven tar utgangspunkt i databaser bestående av genetiske profiler. Det statistiske problemet består i å estimere det totale antallet profiler. Basert på svaret kan man si noe om hvor komplett databasen er.