Atividades

1. Imagine que você tem sangue do tipo A (este é o fenótipo, não o genótipo). Sem saber de mais nada, é possível que você tenha um filho com tipo sanguíneo B?
2. Por que a recombinação entre marcadores e genes que determinam características torna a associação entre o genótipo do marcador e o fenótipo mais fraca?
3. Por que nos preocupamos com o mapeamento genético usando marcadores - por que não sequenciar o genoma de um indivíduo doente e de um indivíduo saudável e ver o que causou a doença?
4. Em estudos de associação do genoma, a significância estatística é definida quando uma determinada associação tem uma probabilidade de ~ 0,00001% em vez de 5%. Como tal, existem muitos "falsos negativos", o que significa que algumas associações observadas entre genótipo e fenótipo são consideradas "não significativas" quando podem ser reais. Dada esta questão, por que não usamos o limite de significância de 5% freqüentemente usado em estatísticas?