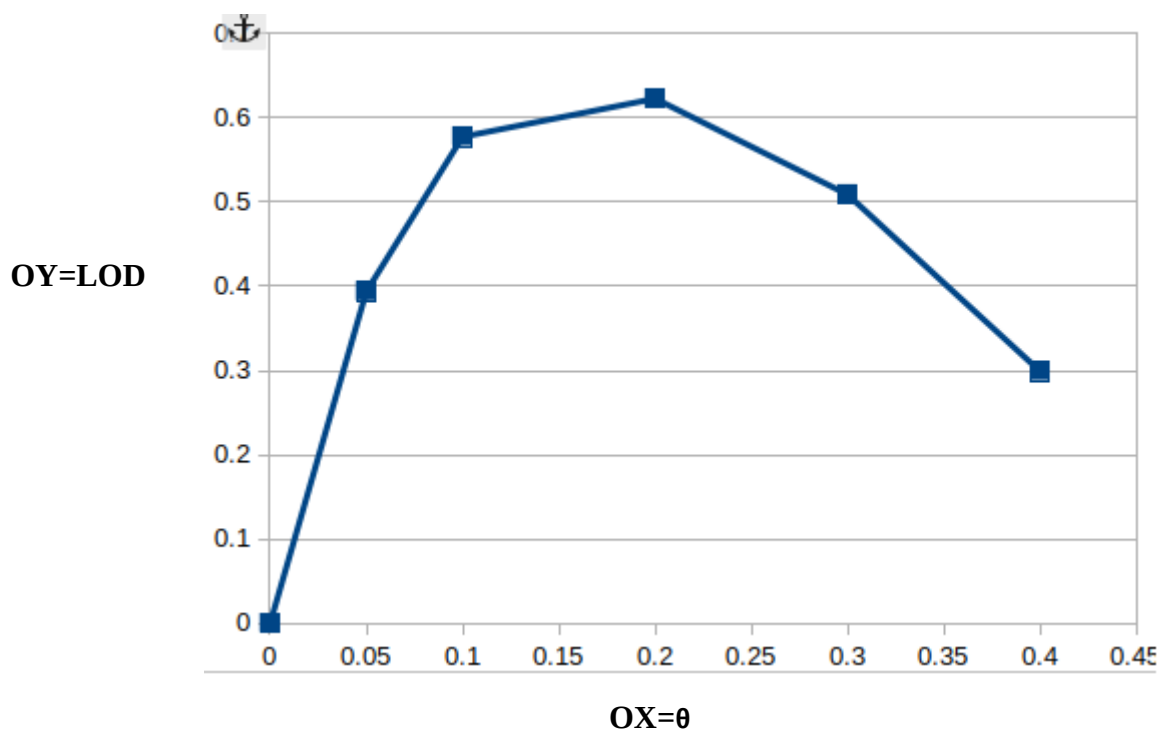


Zad 1.

Dla danego rodowodu, obliczyłam logarytm dziesiętny stosunku wiarygodności dla określonych wartości częstości rekombinacji.

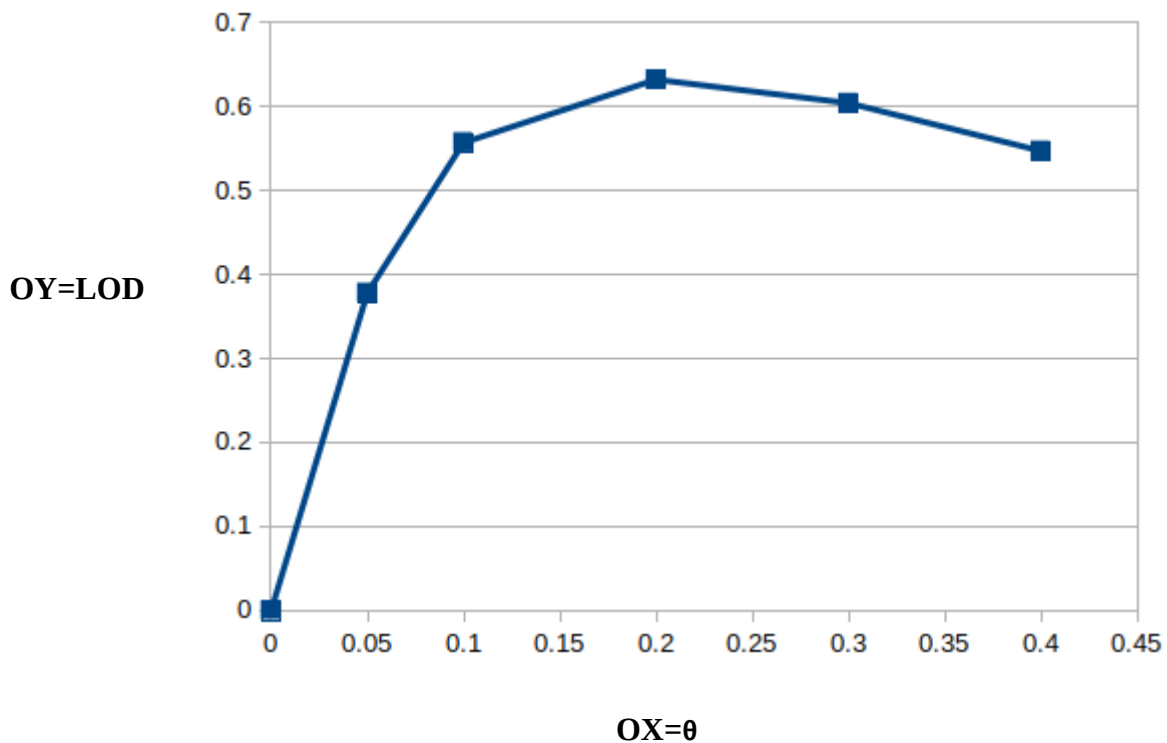
1. Obliczenia ze wzoru

θ	LOD
0	-inf
0.05	0.393768
0.1	0.57739252
0.2	0.6226599
0.3	0.50879143
0.4	0.29899622



2. Obliczenia w programie Merlin

θ	LOD
0	-INF
0.05	0.378
0.1	0.557
0.2	0.632
0.3	0.604
0.4	0.547



Analiza wyników:

Okazuje się, że wyniki otrzymane dwoma sposobami nie są takie same, chociaż maksimum LOD występuje dla tej samej wartości θ . Dla mniejszych wartości θ wyniki są dość podobne, jednak przy większych wartościach, odchylenia są coraz większe (duże odchylenia dla $\theta > 0.2$)

Im większa odległość genetyczna, tym większa częstość rekombinacji między genami, jednak nie oznacza to, że przy największych odległościach wartość LOD będzie najwyższa.

Zad 2.

W badaniu wykorzystano 18 markerów.

Największa wartość LOD zaobserwowana jest dla pozycji 40 cM, która odpowiada markerowi 5.
40.000 2.177 1.000 2.177

Parametric Analysis for Codominant

