

Lista 5a

1. Wygenerowanie genotypów dla osobników (2000 SNP)
2. skonstruowanie macierzy kowariancji **G** opisać jak wygląda
3. Przy pomocy modelu i podanej funkcji wyliczyć genomowe wartości hodowlane:

```
mme2 = function(y, X, Z1, Z2, A, G, sigma_a, sigma_g, sigma_e) {  
  alpha1 = sigma_e / sigma_a  
  alpha2 = sigma_e / sigma_g  
  invA = ginv(A)  
  invG = ginv(G)  
  C = rbind(cbind(t(X)%*%X, t(X)%*%Z1, t(X)%*%Z2),  
            cbind(t(Z1)%*%X, t(Z1)%*%Z1+invA*c(alpha1), t(Z1)%*%Z2),  
            cbind(t(Z2)%*%X, t(Z2)%*%Z1, t(Z2)%*%Z2 + invG*c(alpha2)))  
  rhs = rbind(t(X)%*%y, t(Z1)%*%y, t(Z2)%*%y)  
  invC = ginv(C)  
  estimators = invC%*%rhs  
  list(C = C, est = estimators)  
}
```

4. Zastosować kod z listy 3 do obliczenia wartości hodowlanych za pomocą modelu jednocechowego i porównać z wartościami hodowlanymi obliczonymi za pomocą modelu genomowego
5. Jak zmieniają się wartości hodowlane jeżeli wygenerujemy genotypy np. 3 razy, czy zmiany są duże względem ostatecznych wartości hodowlanych