

Sara Kemmler 5760949
Robin Bonkaß 5769588

1	2	3	4	Σ

Übungsblatt Nr. 06

(Abgabetermin 16.06.22)

Aufgabe 1

$$\begin{aligned}
 2N \cdot (1 - e^{-1})^t &= 1 \\
 (1 - e^{-1})^t &= \frac{1}{2N} \\
 \log_{1-e^{-1}}((1 - e^{-1})^t) &= \log_{1-e^{-1}}\left(\frac{1}{2N}\right) \\
 t &= \log_{1-e^{-1}}\left(\frac{1}{2N}\right)
 \end{aligned}$$

Berechne t von $2N = 10000$:

$$\begin{aligned}
 t &= \log_{1-e^{-1}}\left(\frac{1}{10000}\right) \\
 &= 20,08
 \end{aligned}$$

Das heißt es müssen 20 Generationen zurückgegangen werden um den MRCA zu finden.

1

Aufgabe 2

a)

Coalescence rate:

$$\begin{aligned}
 \lambda &= p = \binom{k}{2} \\
 &= \binom{6}{2} \\
 &= \frac{6!}{2!(6-2)!} \\
 &= \frac{720}{48} \\
 &= 15
 \end{aligned}$$

Expected waiting time:

$$E(T_j) = \frac{2}{j \cdot (j-1)}$$

Daraus folgt:

$$E(T_2) = \frac{2}{2 \cdot (2-1)} = 1$$

$$E(T_3) = \frac{2}{3 \cdot (3-1)} = \frac{1}{3}$$

$$E(T_4) = \frac{2}{4 \cdot (4-1)} = \frac{1}{6}$$

$$E(T_5) = \frac{2}{5 \cdot (5-1)} = \frac{1}{10}$$

$$E(T_6) = \frac{2}{6 \cdot (6-1)} = \frac{1}{15}$$

Expected waiting time in N generation Units wird berechnet durch $j(t) = 2N \cdot t$ mit $2N = 6$

Daraus folgt:

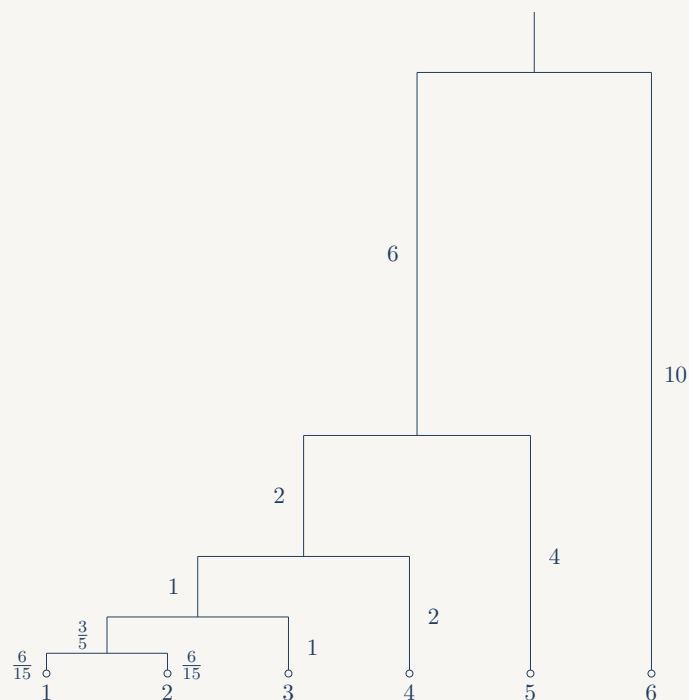
$$j(1) = 2N \cdot 1 = 6 \cdot 1 = 6$$

$$j\left(\frac{1}{3}\right) = 6 \cdot \frac{1}{3} = \frac{6}{3} = 2$$

$$j\left(\frac{1}{6}\right) = 6 \cdot \frac{1}{6} = \frac{6}{6} = 1$$

$$j\left(\frac{1}{10}\right) = 6 \cdot \frac{1}{10} = \frac{3}{5}$$

$$j\left(\frac{1}{15}\right) = 6 \cdot \frac{1}{15} = \frac{6}{15}$$



Die Höhe des Baumes ist 10, was der erwarteten Höhe $2 \cdot \left(1 - \frac{1}{6}\right) \cdot 6 = 10$ entspricht.

b)

$E(L_n)$ als erwartete Länge aller branches lässt sich wie folgt berechnen:

$$\begin{aligned} E(L_n) &= \sum_{j=2}^n j \cdot E(T_j) \\ &= \sum_{j=2}^n j \cdot \frac{2}{j \cdot (j-1)} \\ &= 2 \cdot \sum_{j=2}^n \frac{1}{j-1} \\ &= 2 \cdot \left(\frac{1}{2-1} + \frac{1}{3-1} + \frac{1}{4-1} + \dots + \frac{1}{n-1} \right) \\ &= 2 \cdot \left(1 + \frac{1}{2} + \frac{1}{3} + \dots + \frac{1}{n-1} \right) \\ &= 2 \cdot \sum_{j=1}^{n-1} \frac{1}{j} \\ &= 2 \cdot \left(\sum_{j=1}^n \frac{1}{j} \right) - \frac{1}{n} \\ &= 2 \cdot \left(\ln(n) + 0,5772 + \frac{1}{2n} \right) - \frac{1}{n} \\ &= 2 \cdot \ln(n) + 1,1544 \end{aligned}$$

Die oben aufgestellte Form ist lediglich eine Approximation und keine geschlossene Form, da die harmonische Reihe nicht als geschlossene Form dargestellt werden kann.

Die verwendete Zahl 0,5772 stellt die Euler-Mascheroni-Konstante dar.

Aufgabe 3

Heutzutage gibt es, wie auch in der Jenaer Erklärung (Fischer u. a. 2019) beschrieben, keine biologische Begründung dafür Menschengruppen als Rassen zu bezeichnen. “Das Konzept der Rasse ist das Ergebnis von Rassismus und nicht dessen Voraussetzung.” (Fischer u. a. 2019) so heißt es in der Erklärung der Universität Jena. Der wohl bekannteste Zoologe und Evolutionsbiologe in Deutschland war und ist auch heute noch Ernst Haeckel. Dieser hat mit seiner Einteilung von Menschen “rassen” in einem Stammbaum dazu beigetragen, dass der Begriff Rasse einen biologischen Hintergrund begründet. Weshalb hieraus ein begründeter Rassismus entstanden ist, was aus heutiger Sicht natürlich fatal ist. Auch für viele andere Forscher nach Haeckel wie beispielsweise Karl Mayr war die Existenz von Menschenrassen ein biologischer Fakt. Dies stellt aber einen schlimmen und für viele Menschen auch einen tödlichen Trugschluss dar. Festzulegen, welche taxonomischen Unterschiede oder genetische Differenzierung ausreichend ist, um eine Rasse zu unterscheiden findet willkürlich statt. Viel mehr kann man die größten Unterschiede innerhalb einer einzigen Population finden und nicht zwischen den verschiedenen Populationen. Ganz klar ist also: “Einteilung der Menschen in Rassen war und ist zuerst eine gesellschaftliche und politische Typenbildung, gefolgt und unterstützt durch eine anthropologische Konstruktion auf der Grundlage willkürlich gewählter Eigenschaften wie Haar- und Hautfarbe”. (Fischer u. a. 2019) Diese Konstruktion dient nun als Grundlage um Rassismus zu begründen und eine moralische Rechtfertigung dafür zu schaffen. Allerdings dienen Erforschungen der genetischen Vielfalt nun dazu, dass Rassenkonzepte letztlich als topologische Konstrukte gewertet werden. Dies bedeutet, dass zwischen menschlichen Gruppen lediglich genetische Gradienten jedoch keine definierbaren Grenzen verlaufen! Das menschliche Genom umfasst 3,2 Milliarden Basenpaare und davon gibt es kein einziges, welches “rassische” Unterschiede begründen würde. Zudem ist es sehr oberflächlich äußere Merkmale wie eine dunklere Hautfarbe auf eine Rasse zurückzuführen, da dies lediglich Anpassungen an die jeweiligen örtlichen Gegebenheiten darstellt.

Dies führt uns zu dem Schluss, dass Rassismus das ist, was Rassen geschaffen hat! Es gab und es wird nie einen biologischen Hintergrund geben, der Menschenrassen rechtfertigt. Deshalb sollte der Begriff “Rasse” aus unserem Sprachgebrauch zumindest in Verbindung zum Menschen verbannt werden.

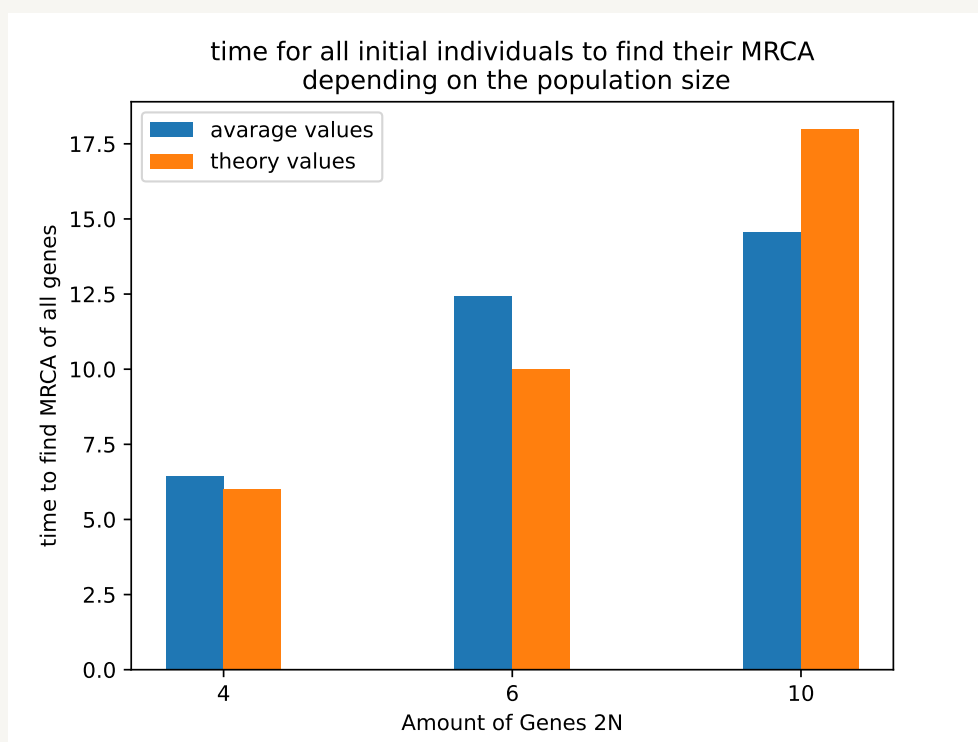
Aufgabe 4

Der Code, der sich im file `Sara_Kemmler_Robin_Bonkass_A6.py` befindet, kann mit folgendem Befehl ausgeführt werden:

```
python Robin_Bonkass_Sara_Kemmler_A6.py -fileOutput -repeats 3 -sizes 4 6 10
```

Es wird eine pdf Datei `Sara_Kemmler_Robin_Bonkass_time_to_MRCA.pdf` gespeichert, in welcher der Plot gespeichert wird. Wenn `-fileOutput` im Befehl steht, wird zudem das file `Sara_Kemmler_Robin_Bonkass_generations.txt` generiert, in welchem der command line Output gespeichert wird.

In folgende Abbildung ist ein Beispiel für einen Plot dargestellt, der zeigt, wie viel Zeit vergeht bis die initialen Populationsgrößen ihren MRCA gefunden haben:



Literatur

- [Fis+19] Prof.Dr.Dr.h.c. Martin S. Fischer u. a. "Jenaer Erklärung - Das Konzept der Rasse ist das Ergebnis von Rassismus und nicht dessen Voraussetzung". In: Institut für Zoologie und Evolutionsforschung der Friedrich-Schiller-Universität Jena (2019).