

# **Bachelor Thesis**

## **Inferring the Population Quantity of Multilocus Genotype Data**

Supervisors: Manfred Opper,  
Olivier François,  
Michael Blum

Fabian Bergmann, 372918

Pages: 4

Submission Date: January 7, 2019

Bachelor Thesis  
**Generating Data**

---

## Biological Background

### Key words

- **Chromosome:** A DNA molecule that encodes genetic information.
- **Gene:** A DNA (or RNA) sequence that specifies the structure of a particular functional molecule.
- **Locus:** A particular position on the chromosome, like the position of a specific gene.
- **Allele:** A variant form of a given gene. Different alleles can lead to distinct phenotypic traits.

### Admixture

The subsequent admixture model, follows a model proposed by Pritchard, Stephens, and Donnelly 2000.

## Aufgabe 1: Titel (Punkte: 7)

Für den folgenden Abschnitt solltet ihr den Latex-Code mit der Ausgabe vergleichen.

Einen neuen Absatz beginnt ihr durch das Einfügen einer Leerzeile. Hier beginnt die neue Zeile: Zeilenumbrüche in der .tex Datei werden ignoriert.

### Aufgabe 1.1: Unterpunkt (Punkte: 1)

Kommentarzeilen werden in Latex mit % begonnen.

Ihr werdet in diesem Kurs viel mit mathematischen Ausdrücken arbeiten. Daher folgen nun die wichtigste Umgebung: align (bitte betrachtet wieder den Latex-Code).

$$a_1 = b^2 + 4 \tag{1}$$

$$a_1 - 4 = b^2 \tag{2}$$

Wollt ihr die Zeilen nicht durchnummeriert haben, so müsst ihr folgendes ändern:

$$a_1 = b^2 + 4$$

$$a_1 - 4 = b^2$$

Um mehr als ein Zeichen hoch- oder tiefgestellt darzustellen, müssen diese in geschweifte Klammern geschrieben werden.

$$a_{i+10} = b^{2+j} + 4 \tag{3}$$

$$a_{i+10} - 4 = b^{2+j} \tag{4}$$

Jetzt müssen noch die Gleichheitszeichen untereinander gesetzt werden.

$$a_1 = b^2 + 4 \tag{5}$$

$$a_1 - 4 = b^2 \tag{6}$$

Matrizen können wie folgt dargestellt werden:

$$\begin{pmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 4 & 5 & 6 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} a & b & c \\ d & e & f \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -3 & 6 & 12 \\ 4.3 & -1.2 & 9 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} a & b & c \\ d & e & f \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -4 & 4 & 9 \\ 0.3 & -6.2 & 3 \end{pmatrix}$$

$$\Rightarrow a = -4$$

$$\Rightarrow b = 4$$

$$\Rightarrow c = 9$$

$$\Rightarrow d = 0.3$$

$$\Rightarrow e = -6.2$$

$$\Rightarrow f = 3$$

Im Folgenden findet ihr eine Liste der wichtigsten Symbole und Zeichen. Weitere Zeichen findet ihr unter <http://tug.ctan.org/info/symbols/comprehensive/symbols-a4.pdf>.

{ }

U

∩

\

⊂

⊆

⊇

⊃

∈

∉

ℕ

ℤ

ℚ

ℝ

ℂ

≠

≈

≤

≤

≡

≥

≥

α

β

$$\sum_{i=1}^n x_i$$

⟨ ⟩

⋅, ⋯

⇒

→

$\vec{v}$

## References

- [1] Jonathan K Pritchard, Matthew Stephens, and Peter Donnelly. "Inference of population structure using multilocus genotype data". In: *Genetics* 155.2 (2000), pp. 945–959.