Züchtungslehre - Lösung 2

Peter von Rohr 2017-10-06

Aufgabe 1: Matrixdefinitionen in R

In R werden Matrizen mit der Funktion matrix erstellt. In der Vorlesung hatten wir gesehen, dass die Funktion matrix() verschiedene Optionen aktzeptiert. Wir wollen uns hier anschauen, wie sich die Parameter auswirken.

Ihre Aufgabe wird es sein die Matrizen mit den verschiedenen Optionen zu erstellen und so besser zu verstehen, was die Optionen für eine Bedeutung haben.

Parameter data

• data: Angabe der Matrix-Elemente

```
(matA \leftarrow matrix(data = c(1:9), nrow = 3, ncol = 3))
         [,1] [,2] [,3]
## [1,]
            1
                  4
## [2,]
            2
                  5
                       8
## [3,]
            3
                  6
                       9
   • data: Ohne Angabe der Matrix-Elemente
(matB <- matrix(nrow = 3, ncol = 3))</pre>
         [,1] [,2] [,3]
##
## [1,]
           NA
                NA
## [2,]
           NA
                      NA
                 NA
## [3,]
           NA
                NA
                      NA
   • data: Spezifikation nicht aller Elemente
(matC \leftarrow matrix(data = c(1,2,3), nrow = 3, ncol = 3))
         [,1] [,2] [,3]
##
## [1,]
            1
                  1
## [2,]
            2
                  2
                       2
            3
                  3
## [3,]
                       3
(matC2 \leftarrow matrix(data = c(1,2,3,4), nrow = 3, ncol = 3))
## Warning in matrix(data = c(1, 2, 3, 4), nrow = 3, ncol = 3): data length
## [4] is not a sub-multiple or multiple of the number of rows [3]
##
         [,1] [,2] [,3]
## [1,]
            1
                  4
                       3
            2
## [2,]
                  1
                       4
## [3,]
            3
                  2
                       1
```

Parameter nrow und ncol

• Weglassen einer der beiden Parameter

```
(matD \leftarrow matrix(data = c(1:9), nrow = 3))
##
         [,1] [,2] [,3]
## [1,]
             1
                   4
                         7
## [2,]
             2
                   5
                         8
## [3,]
             3
                   6
                         9
(matE \leftarrow matrix(data = c(1:9), ncol = 3))
##
         [,1] [,2] [,3]
## [1,]
             1
                   4
                         7
## [2,]
             2
                   5
                         8
## [3,]
             3
                   6
                         9
```

Parameter byrow

```
(matF <- matrix(data = c(1:9), nrow = 3, ncol = 3, byrow = TRUE))</pre>
         [,1] [,2] [,3]
##
## [1,]
            1
                  2
## [2,]
            4
                  5
                       6
## [3,]
            7
                  8
                       9
(matG <- matrix(data = c(1:9), nrow = 3, ncol = 3, byrow = FALSE))</pre>
         [,1] [,2] [,3]
## [1,]
            1
                  4
                       7
## [2,]
            2
                  5
                       8
## [3,]
            3
                  6
                       9
```

Aufgabe 2: Matrixmultiplikation in R

Matrixmultiplikationen können in R mit dem Operator %*% oder mit den Funktionen crossprod() oder tcrossprod() ausgeführt werden. Der Vorteil von crossprod() und tcrossprod() gegenüber von %*% ist, dass wir mit crossprod() und tcrossprod() direkt Matrizen und Vektoren multiplizieren können. Das funktioniert mit %*% nicht. Bei der Matrix-Vektor-Multiplikation mit %*% muss der Vektor zuerst in eine Matrix verwandelt werden.

In einem ersten Teil der Aufgabe geht es um einen Vergleich zwischen crossprod(), tcrossprod() und %*% für die Matrix-Multiplikation.

a) Gegeben sind die folgenden Matrizen

```
matA <- matrix(data = c(1:9), ncol = 3)
matB <- matrix(data = c(2:10), ncol = 3)</pre>
```

Finden Sie heraus welcher Multiplikationen mit %*% entspricht die folgende Anweisung?

crossprod(matA,matB)

```
## [,1] [,2] [,3]
## [1,] 20 38 56
## [2,] 47 92 137
## [3,] 74 146 218
```

Lösung

[3,]

Die Anweisung crossprod(matA, matB) entspricht der Matrixmultiplikation

```
t(matA) %*% matB

## [,1] [,2] [,3]

## [1,] 20 38 56

## [2,] 47 92 137
```

Alternativ dazu gibt es die Funktion tcrossprod(). Finden Sie, welche Matrixmultiplikation mit %*%

tcrossprod(matA, matB)

74

146

218

```
## [,1] [,2] [,3]
## [1,] 78 90 102
## [2,] 93 108 123
## [3,] 108 126 144
ausführt.
```

Lösung

```
matA %*% t(matB)
        [,1] [,2] [,3]
## [1,]
          78
                90
                    102
## [2,]
           93
               108
                    123
## [3,]
              126
         108
                    144
  b) Gegeben ist zusätzlich der Vektor vecB als
vecB <- c(-3,16,1)
```

Multiplizieren Sie die Matrix matA mit dem Vektor vecB einmal mit %*% und einmal mit crossprod().

Hinweise: Ein Vektor kann mit der Funktion as.matrix() in eine Matrix verwandelt werden.

Lösung

```
matA %*% as.matrix(vecB)
         [,1]
##
## [1,]
           68
## [2,]
           82
## [3,]
           96
crossprod(t(matA), vecB)
         [,1]
## [1,]
           68
## [2,]
           82
## [3,]
           96
```

Aufgabe 3: Gleichungssysteme

Gegeben ist das folgende Gleichungssystem.

$$2x_2 + 2x_3 = 1$$

$$2x_1 + 4x_2 + 5x_3 = 9$$

$$x_1 - x_2 + 2x_3 = 3$$
(1)

a) Bestimmen Sie die Lösungsmenge des Gleichungssystems (1) mit dem Gaussverfahren

Lösung

• Vertauschen der ersten und der zweiten Gleichung

$$2x_1 + 4x_2 + 5x_3 = 9$$
$$2x_2 + 2x_3 = 1$$
$$x_1 - x_2 + 2x_3 = 3$$

• 1/2-fache der ersten Gleichung von dritter abziehen

$$2x_1 + 4x_2 + 5x_3 = 9$$
$$2x_2 + 2x_3 = 1$$
$$-3x_2 - \frac{1}{2}x_3 = -\frac{3}{2}$$

• Addition des 3/2-fache der zweiten zur dritten Gleichung

$$2x_1 + 4x_2 + 5x_3 = 9$$
$$2x_2 + 2x_3 = 1$$
$$\frac{5}{2}x_3 = 0$$

Somit ist $x_3 = 0$.

- Rückwärtseinsetzen in der zweiten Gleichung führt zu $x_2 = 1/2$. Aufgrund der ersten Gleichung folgt $x_1 = 7/2$.
- b) Verwandeln Sie das Gleichungssystem (1) in Matrix-Vektor-Schreibweise

Lösung

$$A \cdot x = b$$

wobei die sogenannte Koeffizientenmatrix A, der Vektor x und die rechte Handseite b wie folgt definiert sind

$$A = \left[\begin{array}{ccc} 0 & 2 & 2 \\ 2 & 4 & 5 \\ 1 & -1 & 2 \end{array} \right]$$

,

$$x = \left[\begin{array}{c} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{array} \right]$$

und

$$b = \left[\begin{array}{c} 1 \\ 9 \\ 3 \end{array} \right]$$

c) Wie lautet die Lösung des Gleichungssystem (1) in Matrix-Vektor-Schreibweise

$$x = A^{-1} \cdot b$$

d) Berechnen Sie die Lösung aus c) mit R

Hinweis * Für die Multiplikation der Matrix A^{-1} mit dem Vektor b muss der Vektor b in eine Matrix verwandelt werden. Dies kann mit der Funktion as.matrix() gemacht werden.

Lösung

```
matA <- matrix(data = c(0,2,2,2,4,5,1,-1,2),nrow = 3,ncol = 3, byrow = TRUE)
matAInv <- solve(matA)
vecB <- c(1,9,3)
sol <- matAInv %*% as.matrix(vecB)
print(sol)

## [,1]
## [1,] 3.500000e+00
## [2,] 5.00000e+00
## [3,] 2.220446e-16
Wir erhalten die Lösungen des Gleichungssystems auch mit einem einzigen Aufruf der Funktion solve().
solve(matA, vecB)</pre>
```

[1] 3.5 0.5 0.0

Aufgabe 4: Quantitative Genetik

In einer Population wurden für einen Genort folgende Häufigkeiten bei Genotypen gezählt

Genotypen	Anzahl
$ \begin{array}{c} A_1 A_1 \\ A_1 A_2 \end{array} $	24 53
A_2A_2	23

a) Bestimmen Sie die Genotypfrequenzen

Lösung

```
nTotNrInd <- sum(dfGenotypeFreq$Anzahl)
vGenoTypeFreq <- dfGenotypeFreq$Anzahl / nTotNrInd
cat(paste("Genotyp-Frequenz", dfGenotypeFreq$Genotypen[1]), ": ", vGenoTypeFreq[1])

## Genotyp-Frequenz $A_1A_1$: 0.24

cat(paste("Genotyp-Frequenz", dfGenotypeFreq$Genotypen[2]), ": ", vGenoTypeFreq[2])

## Genotyp-Frequenz $A_1A_2$: 0.53

cat(paste("Genotyp-Frequenz", dfGenotypeFreq$Genotypen[3]), ": ", vGenoTypeFreq[3])

## Genotyp-Frequenz $A_2A_2$: 0.23

b) Bestimmen Sie die Allelfrequenzen
```

Lösung

```
vGenFreqP <- vGenoTypeFreq[1] + 0.5*vGenoTypeFreq[2]
vGenFreqQ <- vGenoTypeFreq[3] + 0.5*vGenoTypeFreq[2]
cat("Allelfrequenz fuer A1: ", vGenFreqP)

## Allelfrequenz fuer A1: 0.505
cat("Allelfrequenz fuer A2: ", vGenFreqQ)</pre>
```

Allelfrequenz fuer A2: 0.495

c) Berechnen Sie das Populationsmittel μ unter der Annahme, dass die genotypischen Werte zwischen den homozygoten Genotypen 20 Einheiten auseinanderliegen und dass der heterozygote Genotyp einen genotypischen Wert von 2 hat.

Lösung

```
nDeltaHom <- 20
### # additiver Wert A
nAddValue <- nDeltaHom / 2
nDom <- 2
### # Populationsmittel
nMu <- (vGenFreqP-vGenFreqQ) * nAddValue + 2 * vGenFreqP * vGenFreqQ * nDom
cat("Populationsmittel: ", nMu, "\n")</pre>
```

Populationsmittel: 1.0999