

**Aufgabe 1** (3 Punkte) Wir betrachten ein 2-dimensionales Ising-Modell auf einem  $50 \times 50$ -Gitter mit positiver Randbedingung, d.h. alle Randwerte haben am Anfang die Magnetisierung  $+1$  und diese bleibt während der Simulation fest. Alle anderen Startzustände sollen zufällig, unabhängig voneinander und gleichverteilt auf  $\{1, -1\}$  sein. Simulieren Sie 200 mal  $10^5$  Schritte in diesem Ising-Modell für die Parameter  $J = 1, h = 0$  und  $\beta = 0.5$ . Bestimmen Sie jeweils die mittlere Magnetisierung und veranschaulichen Sie das Ergebnis in einem Histogramm. Wiederholen Sie die Simulation für  $\beta = 1.5$ .

**Aufgabe 2** (1 + 1 + 1 + 1 Punkte) Das Wright-Fisher-Modell ist ein einfaches mathematisches Populationsmodell aus der Evolutionsbiologie. Jede Generation besteht aus  $N$  Individuen mit Genotypen aus  $\{A, a\}$ . Die Generation  $G_n$  bildet sich aus der Generation  $G_{n-1}$ , indem jedes Individuum aus  $G_n$  unabhängig den Genotyp eines der Individuen aus der Vorgängergeneration  $G_{n-1}$  erbt, wobei der Vorfahre basierend auf einer Gleichverteilung gewählt wird. Wenn  $X_{n-1}$  die Zahl der Individuen mit Genotyp  $A$  in  $G_{n-1}$  ist, so gilt dann

$$X_n \sim \text{Bin}\left(N, \frac{X_{n-1}}{N}\right). \quad (1)$$

- Simulieren Sie 8 mal 20 Generationen des Wright-Fisher Modells mit  $N = 20$  und  $X_1 = 10$ . Plotten Sie die Verläufe gemeinsam in einen Plot.
- Die Zustände 0 und  $N$  sind absorbierend. Sei  $\tau := \inf\{n : X_n \in \{0, N\}\}$  und sei  $p_k = P(X_\tau = N)$  für  $X_0 = k$ . Schätzen Sie  $p_k$  für  $N = 20$  und  $k = 1, 2, \dots, 19$  mithilfe von 100 Simulationen, simulieren Sie jeweils bis zur Absorption. Plotten Sie Ihre Schätzungen für  $p_k$  in Abhängigkeit von  $k$ .

Beim Wright-Fisher-Modell mit Selektion vererbt jedes Individuum  $i$  aus  $G_{n-1}$  seinen Genotyp mit Wahrscheinlichkeit  $w_i/(w_1 + \dots + w_N)$ , wobei  $w_i = 1 + s$  für Typ  $A$ ,  $s > 0$ , und  $w_i = 1$  für Typ  $a$ . Somit

$$X_n \sim \text{Bin}\left(N, (1 + s) \frac{X_{n-1}}{N + sX_{n-1}}\right). \quad (2)$$

- Bestimmen Sie wie in **b)** die Wahrscheinlichkeiten  $p_k$  für  $N = 20$ ,  $k = 1, 2, \dots, 19$  und  $s = 0.05, 0.1, 0.2, 0.4$ . Erstellen Sie für jeden Wert von  $s$  einen separaten Plot wie in **b)** und zeichnen Sie alle vier Plots in ein Bild.

Beim Wright-Fisher-Modell mit Mutation können sich die Genotypen nach der Vererbung durch Mutation verändern. Hierbei findet die Mutation  $a \rightarrow A$  mit Wahrscheinlichkeit  $\gamma_a$  und die Mutation  $A \rightarrow a$  mit Wahrscheinlichkeit  $\gamma_A$  statt. Im Fall ohne Selektion gilt dann

$$X_n \sim \text{Bin}\left(N, (1 - \gamma_A) \frac{X_{n-1}}{N} + \gamma_a \frac{N - X_{n-1}}{N}\right). \quad (3)$$

- Wegen der Mutation findet keine Absorption mehr statt.  $X_n$  besitzt nun eine eindeutige, nicht-triviale Gleichgewichtsverteilung. Schätzen Sie diese für  $N = 20$ ,  $(\gamma_A, \gamma_a) = (0.05, 0.03)$ ,  $s = 0$  und  $X_1 = 10$ , indem Sie das Wright-Fisher-Modell 1000 mal 100 Generationen lang simulieren und ein Histogramm von  $X_{100}$  erstellen.