



Bioberegninger, ST1301
Onsdag 1. juni 2005
Løsningsforslag

Oppgave 1

a) Verdien av uttrykkene blir som følger:

```
> kjonnn==1
[1] TRUE TRUE TRUE FALSE FALSE FALSE TRUE
> kjonnn==1 & tronder
[1] FALSE TRUE TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE
> hoyde[kjonnn==1 & tronder]
[1] 1.80 1.84
> mean(hoyde[kjonnn==1 & tronder])
[1] 1.82
```

De to første uttrykken blir logiske vektorer (den logiske operatoren `&` virker elementvis). Når den logiske vektoren i andre uttrykk brukes som indeks i uttrykk 3 velges andre og tredje element av vektoren `hoyde` ut. I siste linje beregnes gjennomsnittshøyden til trøndere av det ene kjønnnet.

b) $1:5*2$
 $1:(5*2)$

Uttrykkene har forskjellig verdi fordi operatoren `:` har høyere prioritet enn operatoren `*`. Dermed vil deluttrykket $1:5$ beregnes først (en vektor med element 1,2,3,4,5) og så multipliseres elementene i denne vektoren med tallet 2. Dermed blir verdien av første uttrykk vektoren (2, 4, 6, 8, 10) mens det andre uttrykket får verdi (1, 2, 3, ..., 10) fordi uttrykket $5 * 2$ her beregnes først på grunn av parantes.

c)

```
xxx <- function(x) {
  n <- length(x)
  z <- x[1]
  for (i in 2:n) {
    if (x[i]>z) {
```

```

        z <- x[i]
    }
}
z
}

```

Gjør vi funksjonskallet `xxx(c(1,2,5,-1,2,6,2,-3))` vil `n` først få verdien 8, og `z` verdien av første element til argumentet `x`, altså 1. Så ser vi på de restrende elementene av `x` og tester om ett gitt element er større enn `z`; hvis det er tilfelle tilordnes verdien til `z`. Dermed vil `z` til slutt inneholde største verdi av `x`, nemlig tallet 6 som returneres som funksjonsverdi.

Oppgave 2

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	8.3102269	1.8215891	4.562	0.0103	*
areal	0.0027429	0.0007245	3.786	0.0193	*

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 3.057 on 4 degrees of freedom

Multiple R-Squared: 0.7818, Adjusted R-squared: 0.7273

F-statistic: 14.33 on 1 and 4 DF, p-value: 0.01934

- a) Modellen kan skrives på formen

$$y = a + bx + \epsilon, \quad (1)$$

hvor y er antall arter og x er arealet av et gitt reservat. Parameterne i modellen er a , b , og variansen til ϵ , $\sigma^2 = \text{Var}(\epsilon)$. Estimaten av a og b er $\hat{a} = 8.31$ og $\hat{b} = 0.0027$. Estimaten av σ er $\hat{\sigma} = 3.05$. Dersom arealet i et gitt reservat er $x = 5000$ blir forventet antall arter $8.31 + 0.0027 \cdot 5000 = 21.8$.

- b) I tabellen over "Coefficients" finner vi at p -verdien for testen av $H_0 : a = 0$ vs. $H_1 : a \neq 0$ er 0.0193 som betyr at H_0 kan forkastes for signifikansnivå valgt lik $\alpha = 0.05$. Altså kan vi konkludere med at arealet påvirker antall arter i et gitt reservat.
- c) Hvis antall arter y skal gå mot null når arealet x går mot null må parameteren $a = 0$. p -verdien for denne testen er 0.0103 slik at også denne nullhypotesen kan forkastes. Dersom vi tror på modellen som er tilpasset kan vi altså konkludere med at forventet antall arter

i et område med areal lik 0 vil være større enn null. A priori vet vi at dette ikke kan være tilfelle fordi et individ av en gitt art jo nødvendigvis ikke kan få plass i et punkt i planet. Derfor er det rimelig å anta at parameteren $a = 0$ på tross av det signifikante test-resultatet. Det kan stilles spørsmål ved om sammenhengen er linjær, en alternativ modell ville være å anta $E(y) = ax^b$ hvor a og b igjen er ukjente konstanter. Dessuten virker det urimelige å anta at y er normalfordelt og kontinuerlig fordelt; dette innebærer y vil kunne ta negative og ikke-heltallige verdier.

Oppgave 3

- a) Ved den nye likevekten vil $dN/dt = 0$ slik at $N = N^*$ oppfyller ligningen

$$rN \left(1 - \frac{\ln N}{\ln K} \right) - c = 0. \quad (2)$$

- b) Vi lar $f(N) = rN(1 - \ln N/\ln K) - c$. Da får vi at

$$f'(N) = r \left(1 - \frac{1}{\ln K} (\ln N + 1) \right), \quad (3)$$

slik at iterasjonsligningen blir

$$N_{i+1} = N_i - \frac{f(N_i)}{f'(N_i)} \quad (4)$$

$$= N_i - \frac{rN_i(1 - \ln N_i/\ln K) - c}{r(1 - (\ln N_i + 1)/\ln K)}. \quad (5)$$

- c) # Kontrakt: flyttall, flyttall, flyttall -> flyttall

#

Hensikt: Å beregne likevektspopulasjonsstørrelsen i modell med

gompertz tetthetsregulering og konstant høstingsrate c gitt

parameterne r , K , og c .

#

Eksempel:

likevekt(.5,100,0) skal returnere 100 siden N^* er lik K når $c=0$.

#

Definisjon:

```
likevekt <- function(r,K,c) {
```

```
  N <- K # Dette er antakelig en fornuftig startverdi...
```

```
  repeat {
```

```
    forrige.N <- N
```

```

    N <- N - (r*N*(1-log(N)/log(K)-c))/
              (r*(1-(log(N)+1)/log(K)))
    if (abs(N-forrige.N)<1e-6)
      break()
  }
  N
}
```

- d) Bare i ett tilfelle vet vi det eksakte svaret, nemlig når $c = 0$. Da oppfyller $N = N^*$

$$rN\left(1 - \frac{\ln N}{\ln K}\right) = 0 \quad (6)$$

som har løsning $N = K$. Altså skal funksjonen returnere tallet vi oppgir som K hvis argumentet $c = 0$. For eksempel skal funksjonkallet `likevekt(.5,100,0)` gi 100 som verdi.

Oppgave 4

- a) Hvis T_1, T_2, \dots, T_5 tar verdiene 220, 70, 79, 85 og 160 betyr det at alle artene (hele samfunnet) har utdødd ved tidpunktet $W = 220$. Vi har altså at W er en bestemt funksjon av T_i 'ene, nemlig funksjonen $W = \max(T_1, T_2, \dots, T_n)$.
- b) Siden W er en funksjon av T_i 'ene kan vi simulere en realisasjon av W ved først å simulere en realisasjon av T_1, T_2, \dots, T_n (ved bruk av `rexp`) og så beregne tilhørende verdi av W ved bruk av funksjonen `max` i R. Gjentar vi dette 1000 ganger kan $E(W)$ estimeres ved snittet av alle de simulerte verdiene av W .

Merk vi har brukt parameteriseringen $f(t) = \frac{1}{\beta} \exp(-\frac{t}{\beta})$ (da er $E(T) = \beta$) mens R bruker parameteriseringen $f(t) = \lambda \exp(-\lambda t)$ slik at λ uttrykket ved vår β blir $\lambda = 1/\beta$.

```

# forventet.levetid.samfunn : heltall, flyttall -> flyttall
#
# Hensikt: Beregne forventet levetid til et samfunn bestående av n
# arter, hver med uavhengig eksponentielt fordelte levetider med
# forventinger lik beta.
#
# Eksempel:
# forventet.levetid(1,100) bør gi 100 som svar
# forventet.levetid(2,100) bør gi et tall større enn 100 som svar
#
```

```
# Definisjon:
forventet.levetid.samfunn <- function(n,beta) {
  W <- rep(NA,1000)
  for (i in 1:1000) {
    T <- rexp(n=n,rate=1/beta) # én realisasjon av levetidene til de n artene
    W[i] <- max(T) # tilhørende realisasjon av levetiden til samfunnet
  }
  mean(W) # snittet av alle de 1000 realisasjonene av W blir estimatet av E(W)
}
```