

7. Übung zur Vorlesung “Einführung in die Bioinformatik I, 2. Teil”

Sommersemester 2015

Peter Dittrich, Martin Engler

Ausgabe: 4. Juni 2015,
Abgabe: 11. Juni 2015 zu Beginn der Übung

Aufgabe 1 (5 Punkte): Überprüfen Sie mit Hilfe der Eigenschaften von Ultrametrien, ob die folgende Distanzmatrix einer Ultrametrik entspricht, und begründen Sie Ihre Antwort:

<i>A</i>	<i>B</i>	<i>C</i>	<i>D</i>	
0	1	8	5	<i>A</i>
		0	8	<i>B</i>
			0	<i>C</i>
			0	<i>D</i>

Aufgabe 2 (7 Punkte): Gegeben sei die Distanzmatrix:

<i>A</i>	<i>B</i>	<i>C</i>	
0	6	8	<i>A</i>
		0	<i>B</i>
		0	<i>C</i>

Benutzen Sie Neighbor Joining, um einen additiven Baum zu rekonstruieren. Berechnen Sie die zum additiven Baum gehörige Baum-Metrik, und vergleichen Sie sie mit der Eingabematrix.

Aufgabe 3 (8 Punkte): Gegeben sei folgende Distanzmatrix:

<i>A</i>	<i>B</i>	<i>C</i>	<i>D</i>	<i>E</i>	<i>F</i>	
0	2	8	12	18	18	<i>A</i>
		0	4	8	18	<i>B</i>
			0	6	18	<i>C</i>
				0	8	<i>D</i>
					0	<i>E</i>
					0	<i>F</i>

Benutzen Sie die folgenden agglomerativen Cluster-Verfahren, um phylogenetische Wurzelbäume aus der Matrix zu rekonstruieren: (a) UPGMA, (b) Complete linkage clustering. Vergleichen Sie die Bäume.