

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

Sommersemester 2016

Prof. Peter Dittrich, Marcus Ludwig

Ausgabe: 26. Mai 2016,
Abgabe: 02. Juni 2016 zu Beginn der Übung

Aufgabe 1 (5 Punkte): Überprüfen Sie, 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	5	<i>B</i>
		0	8	<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	5	<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	18	<i>B</i>
		0	6	18	18	<i>C</i>
			0	8	12	<i>D</i>
				0	10	<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.