

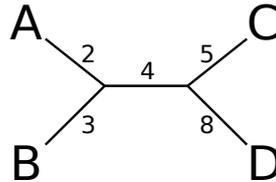
5. Übung zur Vorlesung “Algorithmische Phylogenetik”

Sebastian Böcker, Markus Fleischauer

Abgabe: 09.01.2016

Aufgabe 1 (SplitsTree) (5 Punkte)

Gegeben sei folgender Baum:



Berechnen Sie die Isolationsindizes der zugehörigen additiven Metrik.

Hinweis: Das geht auch sehr einfach, aber berechnen Sie mindestens einen Isolationsindex explizit!

Aufgabe 2 (SplitsTree, NeighborNet) (5 Punkte)

Gegeben sei folgende Distanzmatrix:

	A	B	C	D	E
A	0	6	8	9	9
B		0	5	8	10
C			0	4	8
D				0	7
E					0

Testen Sie `SplitsTree` mit der angegebenen Distanzmatrix. Eine Java-Version zum download ist unter <http://www.splitstree.org/> erhältlich.

Vergleichen sie die Ergebnisse von Neighbor Joining, Split Decomposition und NeighborNet. Auch Neighbor Joining und NeighborNet sind in `SplitsTree` enthalten.

Aufgabe 3 (Übergangsmatrix) (5 Punkte)

Gegeben sei die folgende (1-Schritt-)Übergangsmatrix

$$P = \begin{pmatrix} 8/10 & 1/10 & 1/10 \\ 2/10 & 7/10 & 1/10 \\ 2/10 & 2/10 & 6/10 \end{pmatrix}.$$

Berechnen Sie die 8-Schritt-Übergangsmatrix P^8 .

Hinweis: Sie können zur Vereinfachung $\frac{1}{10}$ rausziehen.

Aufgabe 4 (iid Sequenzen als Markovkette) (5 Punkte)

Folgender “Evolutionsprozess” auf Sequenzen liege vor: Die Sequenz entstehe zu jedem Zeitpunkt t durch neues Auswürfeln der einzelnen Positionen gemäß einer gegebenen Verteilung π . Dies lässt sich (auch) durch eine Markovkette modellieren; wie sieht die Übergangsmatrix P aus?