

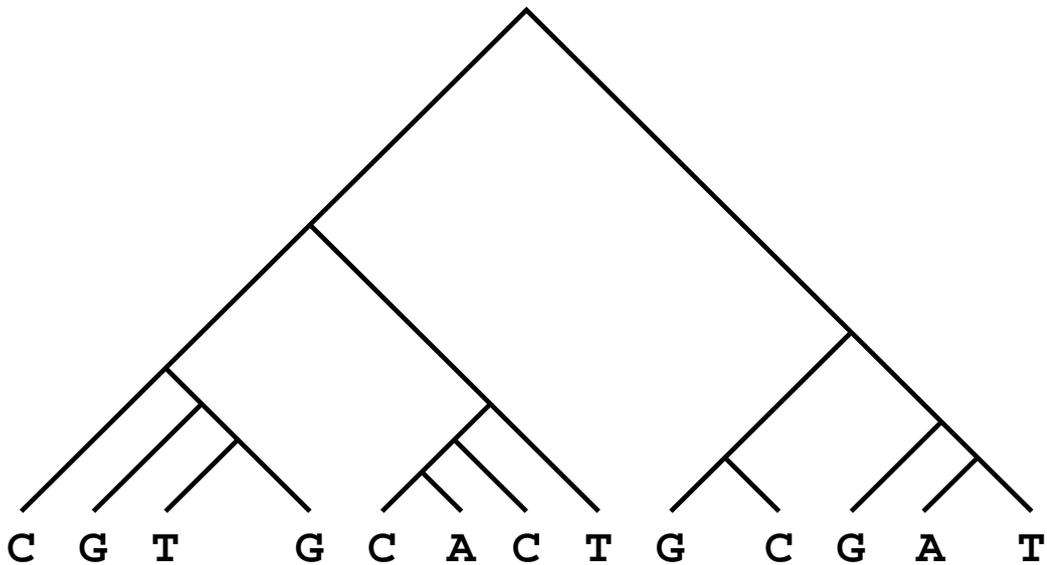
7. Übung zur Vorlesung “Einführung in die Bioinformatik I, 2. Teil”

Sommersemester 2017

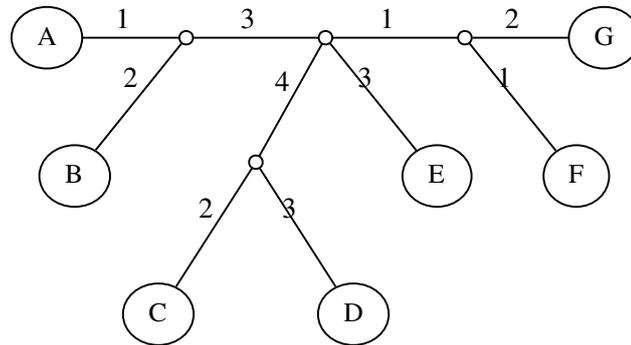
Prof. Sebastian Böcker, Marcus Ludwig, Emanuel Barth, Maximilian Collatz

Ausgabe: 18. Mai 2017,
Abgabe: 01. Juni 2017 zu Beginn der Übung

Aufgabe 1 (5 Punkte): Verwenden Sie den Fitch-Algorithmus, um eine maximal sparsame Benennung der inneren Knoten des unten gegebenen Baumes zu finden. Gibt es mehrere optimale Lösungen? Wenn ja, wie viele?



Aufgabe 2 (5 Punkte): Geben Sie die zugehörige Distanzmatrix für den dargestellten additiven Baum an.



Aufgabe 3 (5 Punkte): Beweisen Sie, dass für eine beliebige Metrik $d : X \times X \rightarrow \mathbb{R}$ gilt: $d(x, y) \geq 0$ für alle $x, y \in X$.

Aufgabe 4 (5 Punkte): Überprüfen Sie, ob die folgende Distanzmatrix einer Ultrametrik entspricht, und begründen Sie Ihre Antwort:

A	B	C	D	
0	1	8	5	A
	0	8	5	B
		0	8	C
			0	D

Aufgabe 5 (7 Punkte): Gegeben sei die Distanzmatrix:

A	B	C	
0	6	8	A
	0	5	B
		0	C

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.