

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

Sommersemester 2018

Prof. Peter Dittrich, Emanuel Barth, Maximilian Collatz, Marcus Ludwig

Ausgabe: 07. Juni 2018,
Abgabe: 14. Juni 2018 zu Beginn der Übung

Aufgabe 4 (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 5 (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.