

4. Übung zur Vorlesung “Algorithmische Phylogenetik”

Sebastian Böcker, Markus Fleischauer

Aufgabe 1 (Metriken) (5 Punkte) Zeigen Sie, dass die folgende Distanzmatrix eine additive Metrik beschreibt, aber keine Ultrametrik.

	A	B	C	D	E
A	0	9	7	9	7
B		0	5	5	9
C			0	5	7
D				0	9
E					0

Aufgabe 2 (Metriken) (5 Punkte) Schlagen Sie eine sinnvolle Transformation vor, die die unten angegebene Ähnlichkeitsmatrix in eine Distanzmatrix transformiert. Führen Sie die Transformation durch und finden Sie heraus, um was für eine Art von Metrik es sich handelt. Begründen Sie ihre Entscheidung.

	A	B	C	D	E
A	17	8	9	7	10
B		17	12	12	9
C			17	12	10
D				17	8
E					17

Aufgabe 3 (Clustering) (5 Punkte) Gegebenen sei folgende Distanzmatrix:

	A	B	C	D	E	F
A	0	2	8	12	18	18
B		0	4	8	18	18
C			0	6	18	18
D				0	8	12
E					0	10
F						0

Verwenden Sie die unten angegebenen Verfahren, um phylogenetische Bäume aus der Matrix zu rekonstruieren. Vergleichen Sie die vier verschiedenen Bäume und diskutieren Sie die Unterschiede.

- (a) Single linkage clustering.
- (b) UPGMA.
- (c) WPGMA.
- (d) Complete linkage clustering.

Aufgabe 4 (Kantengewichte berechnen) (5 Punkte) Die gegebene Distanzmatrix ist eine additive Metrik. Rekonstruieren Sie den Baum (Topologie und Kantengewichte) wie in der Vorlesung gezeigt.

	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>C</i>	<i>D</i>
<i>A</i>	0	3	6	5
<i>B</i>		0	7	6
<i>C</i>			0	3
<i>D</i>				0

Aufgabe 5 (Fitch-Margoliash) (10 Punkte) Gegeben sei folgende Distanzmatrix:

	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>C</i>	<i>D</i>	<i>E</i>
<i>A</i>	0	6	8	9	9
<i>B</i>		0	5	8	10
<i>C</i>			0	4	8
<i>D</i>				0	7
<i>E</i>					0

- (a) Stellen Sie die Pfad-Kanten - Inzidenzmatrix fuer die Topologie (((A,B),E),(C,D)) auf.
- (b) Berechnen Sie für dieselbe Baumtopologie die Kantengewichte mit der Methode der kleinsten Quadrate.

Aufgabe 6 (Neighbor joining) (5 Punkte)

Gegeben sei folgende Distanzmatrix:

	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>C</i>	<i>D</i>	<i>E</i>
<i>A</i>	0	5	9	10	10
<i>B</i>		0	3	9	11
<i>C</i>			0	2	9
<i>D</i>				0	7
<i>E</i>					0

Verwenden Sie Neighbor Joining, um phylogenetische Bäume zu rekonstruieren.