

**Vorlesung: Phylogenetik
Wintersemester 2006/2007**

Übungen

Übung 6, Besprechung: 07.12.2006

1. Additive Metrik, Ultrametrik.

Zeigen Sie, dass die folgende Distanzmatrix eine additive Metrik beschreibt, aber keine Ultrametrik.

	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>C</i>	<i>D</i>	<i>E</i>
<i>A</i> :	0	9	7	9	7
<i>B</i> :		0	5	5	9
<i>C</i> :			0	5	7
<i>D</i> :				0	9
<i>E</i> :					0

2. Clustering-Verfahren zur Baumrekonstruktion.

Gegebenen sei folgende Distanzmatrix:

	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>C</i>	<i>D</i>	<i>E</i>	<i>F</i>
<i>A</i> :	0	2	8	12	18	18
<i>B</i> :		0	4	8	18	18
<i>C</i> :			0	6	18	18
<i>D</i> :				0	8	12
<i>E</i> :					0	10
<i>F</i> :						0

Benutzen 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.