

**Vorlesung: Phylogenetik  
Wintersemester 2006/2007**

**Übungen**

**Übung 8, Besprechung: 21.12.2006**

**1. Clustering–Algorithmen und ultrametrische Bäume.**

Überlegen Sie sich, wieso die Clustering–Algorithmen (U/WPGMA, Single- und complete linkage) immer einen ultrametrischen Baum rekonstruieren werden, unabhängig davon, ob die Ausgangsmatrix eine Ultrametrik ist.

**2. Neighbor joining, Fitch-Margoliash Heuristik.**

Gegeben seien folgende Distanzmatrizen:

	<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

	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>C</i>	<i>D</i>	<i>E</i>
<i>A</i> :	0	11	6	9	13
<i>B</i> :		0	10	7	8
<i>C</i> :			0	9	14
<i>D</i> :				0	10
<i>E</i> :					0

Benutzen Sie die unten angegebenen Verfahren, um phylogenetische Bäume zu rekonstruieren.

- (a) Neighbor Joining (für beide Matrizen).
- (b) Fitch-Margoliash Heuristik (nur für die obere Matrix).