

Übungen zur Phylogenetik Vorlesung

Universität Bielefeld, WS 2009/2010

Dipl.-Inform. Roland Wittler · Dipl.-Inform. Peter Husemann

<http://wiki.techfak.uni-bielefeld.de/gi/GILectures/2009winter/Phylogenetik>

Blatt 10 vom 23.12.2009

Abgabe zu Beginn der nächsten Vorlesung im neuen Jahr

Aufgabe 1 Programmieraufgabe: Splittree.

(15 Punkte)

Programmiere in einer Programmiersprache deiner Wahl die folgenden Funktionen aus dem Kontext des Splittree-Algorithmus:

(a) Eine Funktion, die den 'isolation index' $\alpha_{J,K}(d)$ für zwei gegebenen Mengen J und K bezüglich einer Matrix d berechnet: $\alpha_{J,K}(d) = \frac{1}{2} \min_{\substack{i,j \in J \\ k,l \in K}} (\max\{d_{ij} + d_{kl}, d_{ik} + d_{jl}, d_{il} + d_{jk}\} - d_{ij} - d_{kl})$.

(b) Eine Funktion, welche die 'split metric' $\delta_{J,K}(i, j)$ zurückgibt.

(c) Eine Funktion, die die Matrix $d^1(i, j)$ berechnet: $d^1(i, j) = \sum_{d\text{-splits } J,K} \alpha_{J,K} \delta_{J,K}(i, j)$

(Tipp: Summiere einfach über alle möglichen Splits! du musst nicht effizient berechnen, welche Splits es wirklich gibt.)

(d) Eine Funktion, welche die 'splittable percentage' ρ berechnet: $\rho := \left(\frac{\sum_{\text{taxa } i,j} d_{ij}^1}{\sum_{\text{taxa } i,j} d_{ij}} \right)$

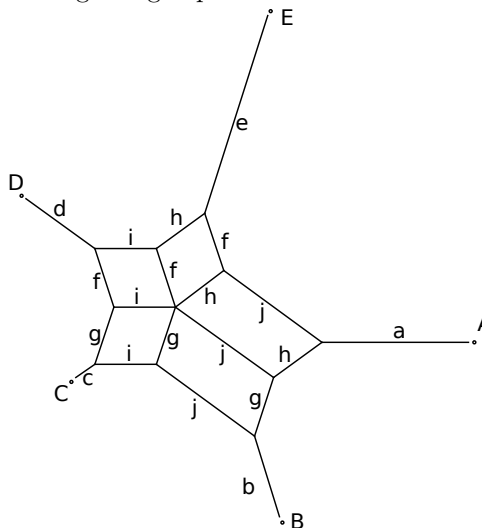
Schicke eine lauffähige Version deines Programmes an deinen Tutor und beschreibe in der E-Mail, wie das Programm aufgerufen werden muss um ρ in der folgenden Aufgabe zu berechnen.

Aufgabe 2 Anwendung deines Programmes.

(4 Punkte)

Gegeben seien die folgende Distanzmatrix sowie der zugehörige Splittree:

	A	B	C	D	E
A:	0	6	8	9	9
B:		0	5	8	10
C:			0	4	8
D:				0	7
E:					0



(a) Verwende deine Implementierung, um ρ für die gegebene Matrix zu berechnen.

(b) Berechne in dem gegebenen Splittree-Netz die Kantenlängen a bis j.

Hinweis: Zum Beispiel $a = \alpha_{\{A\},\{B,C,D,E\}}$ bzw. $h = \alpha_{\{A,E\},\{B,C,D\}}$

Frohes Fest und einen guten Rutsch ins neue Jahr!