

# Übungen zur Phylogenetik Vorlesung

Universität Bielefeld, WS 2011/2012, Dr. Roland Wittler  
<http://wiki.techfak.uni-bielefeld.de/gi/Teaching/2011winter/Phylogenetik>

## Blatt 7 vom 24.11.2011

Abgabe in einer Woche zu Beginn der Vorlesung oder vorab im Briefkasten bei U10-151.

### Aufgabe 1 Additive Metrik, Ultrametrik.

(2 Punkte)

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

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

### Aufgabe 2 Eigenschaften von Distanzen.

(4 Punkte)

Bei jeder Distanzfunktion  $d$  gilt der folgende Zusammenhang:

$$\text{„}d \text{ ist ultrametrisch“} \Rightarrow \text{„}d \text{ ist additiv“} \Rightarrow \text{„}d \text{ erfüllt die Dreiecksungleichung“}$$

Beweise diesen Zusammenhang, indem du die folgenden Punkte zeigst:

- (a) „ $d$  genügt der *Drei-Punkt-Bedingung*“  $\Rightarrow$  „ $d$  genügt der *Vier-Punkt-Bedingung*“

Beweisskizze: Für beliebige vier Elemente, gehen wir wie folgt vor. Wir benennen zwei der Elemente, die minimalen Abstand haben mit  $a$  und  $b$ . Wir benennen die beiden anderen Elemente  $c$  und  $d$ , so dass gilt  $d_{ac} \leq d_{ad}$ . Dann können  $a, b, c$  und  $d$  in genau zwei verschiedenen binären, ultrametrischen Bäumen angeordnet werden. **Welche?** In jedem der zwei Fälle gelten nun mehrere Drei-Punkt-Bedingungen (**Welche?**), die zur gesuchten Vier-Punkt-Bedingung kombiniert/umgeformt werden können. **Wie?** (Der Fall, dass die Distanzen einer nicht-binären Topologie entsprechen, muss nicht gesondert betrachtet werden. Diesen erfassen wir, indem wir Kanten der Länge Null erlauben. Zum Beispiel stellen wir  $((a:2,b:2,c:2):1,d:3)$ ; binär als  $((a:2,b:2):0,c:2):1,d:3$ ; dar.)

- (b) „ $d$  genügt der *Vier-Punkt-Bedingung*“  $\Rightarrow$  „ $d$  erfüllt die *Dreiecksungleichung*“

Tipp: Die Vier-Punkt-Bedingung kann auch auf drei Punkte angewendet werden.

### Aufgabe 3 Clustering-Verfahren zur Baumrekonstruktion.

(4 Punkte)

Gegeben sei folgende Distanzmatrix:

	A	B	C	D	E	F
A:	0	3	12	18	27	27
B:		0	6	12	27	27
C:			0	9	27	27
D:				0	12	18
E:					0	15
F:						0

Verwende die folgenden Verfahren, um phylogenetische Bäume aus der Matrix zu rekonstruieren.

- (a) *Complete linkage clustering*.  
(b) *UPGMA*.

Gib jeweils die Zwischenschritte an. Existieren mehrere Möglichkeiten, gib alle an.

- (c) Vergleiche die Resultate und stelle fest, ob die Matrix ultrametrisch ist. Begründe!