

Übungen zur Phylogenetik Vorlesung

Universität Bielefeld, WS 2013/2014, Dr. Roland Wittler, M.Sc. Kai Stadermann

<http://wiki.techfak.uni-bielefeld.de/gi/Teaching/2013winter/Phylogenetik>

Blatt 11 vom 13.01.2014

Abgabe in einer Woche zu Beginn der Vorlesung oder vorab bei der Tutorin oder beim Veranstalter.

Aufgabe 1 Modellierung der Sequenzevolution.

(7 Punkte)

Gegeben sei das folgende Modell des Nukleotid Austausches:

$$\pi = \left(\frac{1}{4}, \frac{1}{4}, \frac{1}{4}, \frac{1}{4} \right)$$

$$Q = \begin{pmatrix} -5/8 & 3/8 & 1/8 & 1/8 \\ 3/8 & -5/8 & 1/8 & 1/8 \\ 1/8 & 1/8 & -5/8 & 3/8 \\ 1/8 & 1/8 & 3/8 & -5/8 \end{pmatrix}$$

$$P(t) = \begin{pmatrix} 1 - (x + 2y) & x & y & y \\ x & 1 - (x + 2y) & y & y \\ y & y & 1 - (x + 2y) & x \\ y & y & x & 1 - (x + 2y) \end{pmatrix}$$

wobei

$$x = \frac{1 - 2 \exp(-t) + \exp(-t/2)}{4}, \quad y = \frac{1 - \exp(-t/2)}{4}$$

- Auf wie viel PEM ist das Modell kalibriert?
- Rekalibriere die entsprechende Matrix auf 1 PEM.
(Es sollen *nicht* beide Matrizen auf 1 PEM kalibriert werden.)
- Auf wie viel PAM ist das Modell kalibriert?
- Rekalibriere die entsprechende Matrix auf 1 PAM.
(Es sollen *nicht* beide Matrizen auf 1 PAM kalibriert werden.)

Aufgabe 2 Jukes-Cantor Modell.

(5 Punkte)

- Leite aus der Ratenmatrix Q des Jukes-Cantor Modells für $\mathcal{A} = \{A, C, G, T\}$ die stationäre Verteilung π ab. Tipp: Verwende die Anforderung, dass der gesuchte (Zeilen-)Vektor, ein *Verteilungsvektor* ist und *stationär*.
- Berechne α , für eine Kalibrierung auf 1 PAM.
- Das in (b) berechnete α ist größer als das für eine Kalibrierung auf 1 PEM. Warum war dies zu erwarten?