

13. Dezember 2006

Abgabe: 20. Dezember 2006

Aufgabe 1: Implementieren Sie UPGMA und Neighbour Joining und vergleichen Sie wie gut die beiden Programme Bäume rekonstruieren können wenn die eingegebenen Distanzen “leicht fehlerbehaftet” sind, also nicht genau sondern nur ungefähr zu einem Baum passen.

Aufgabe 2: Beweisen Sie das Neighbour-Joining-Theorem für den Fall $|L_k| = 1$.

Aufgabe 3: Gegeben sei ein ungewurzelter Baum T , dessen Blätter mit homologen DNA-Sequenzen beschriftet sind. Gesucht sind Werte für die Astlängen des Baumes und für die Mutationsraten, die die Daten möglichst wahrscheinlich machen. Schreiben Sie ein entsprechendes Programm, das diese Werte zumindest für vierblättrige Bäume und zumindest für das Jukes-Cantor-Modell möglichst effizient berechnet.

- (a) Verwenden Sie dabei den EM-Ansatz
- (b) Verwenden Sie dabei den Newton-Ansatz
- (c) Vergleichen Sie systematisch die Effizienz ihrer beiden Implementationen aus (a) und (b).