Bioinformatik I, WS99/00
Übungsblatt 7

Besprechung am 9.02.2000

1 Pair Group Method

a) Implementieren Sie den *unweighted pair group method Algorithmus (UPGMA)*. Dabei soll das Programm eine Distanzmatrix einlesen und einen Baum mit Distanzen (z.B. in geklammerter Darstellung) ausgeben.

b) Erweitere das Programm um WPGMA und die Farris transformed distance Methode für UPGMA und WPGMA.

2 Felsensteins ML Methode

a) Bestimme nach Felsensteins Maximum Likelihood Methode die Distanz zweier Sequenzen (d.h. die Topologie des Baums ist gegeben), z.B.

```
ATGCTA
ACGGTT
```

für gegebene stationäre Verteilung $\pi_1, \ldots, \pi_4$ z.B. mit Hilfe einer Tabellenkalkulation.

b) Schreibe ein Programm für die Berechnung einer solchen Distanz für zwei gegebene Sequenzen und gegebene π_i.