Technische Universität München
Fakultät für Informatik
Lehrstuhl für Effiziente Algorithmen
Dr. Volker Heun

Sommersemester 2002
Übungsblatt 7
18. Juni 2002

Algorithmische Bioinformatik II

Abgabetermin: Dienstag, den 25. Juni um 10^{15} in der Vorlesung

Aufgabe 1

Gegeben seien die beiden folgenden binären 7×9-Matrizen M_1 und M_2. Entscheide, ob sie eine perfekte Phylogenie (also einen zugehörigen phylogenetischen Baum) besitzen oder nicht. Gib dazu entweder einen externen additiven Baum an oder eine Begründung, dass dies nicht möglich ist.

M_1	1	2	3	4	5	6	7	8	9
	a	b	c	d	e	f	g	h	i
1	0	0	0	1	0	0	0	1	1
2	0	0	1	1	0	1	0	0	0
3	1	0	0	1	0	0	0	1	0
4	0	0	0	0	0	1	1	0	0
5	0	1	0	0	0	1	0	0	0
6	0	0	0	1	0	0	0	1	0
7	0	0	0	1	1	0	0	0	0

M_2	1	2	3	4	5	6	7	8	9
	a	b	c	d	e	f	g	h	i
1	0	0	0	1	0	0	0	1	1
2	0	0	1	1	0	0	0	0	0
3	1	0	0	1	0	0	0	1	0
4	0	0	0	0	0	1	1	0	0
5	0	1	0	0	0	1	0	0	0
6	0	0	0	1	0	0	0	1	0
7	0	0	0	1	1	0	0	0	0

Aufgabe 2

Sei M eine additive Matrix. Zeige, dass M genau dann ultrametrisch ist, wenn für jede Folge $(i_1, \ldots, i_k) \in \mathbb{N}^k$ paarweise verschiedener Werte mit $k \geq 3$ gilt, dass in der Folge $(M(i_1, i_2), M(i_2, i_3), \ldots, M(i_{k-1}, i_k), M(i_k, i_1))$ das Maximum mehrfach angenommen wird.

Aufgabe 3

In der Vorlesung wurde folgendes Lemma bewiesen:

Lemma *Besitzt eine binäre $n \times m$-Matrix eine perfekte Phylogenie, dann ist die zugehörige Distanzmatrix D_M ultrametrisch, wobei*

$$D_M(i,j) = m - |\{c \in [1:m] \mid M(i,c) = M(j,c) = 1\}|.$$

Daraus ergibt sich folgender Algorithmus zur Bestimmung einer perfekten Phylogenie:

1) Konstruiere D_m;
2) Konstruiere ultrametrischen Baum T_{D_M} für D_M;
   Falls dies nicht geht, dann existiert keine perfekte Phylogenie für M;
3) Markiere die Kanten von T_{D_M} so, dass ein phylogenetischer Baum für M entsteht.
   Falls dies nicht geht, dann existiert keine perfekte Phylogenie für M;

Zeige, wie der Schritt 3) zu realisieren ist und beweise die Korrektheit dieses Algorithmus. Analysiere ferner die Laufzeit des resultierenden Algorithmus.