

Marvin Döbel  
Rabanus Derr

1	2	3	$\Sigma$

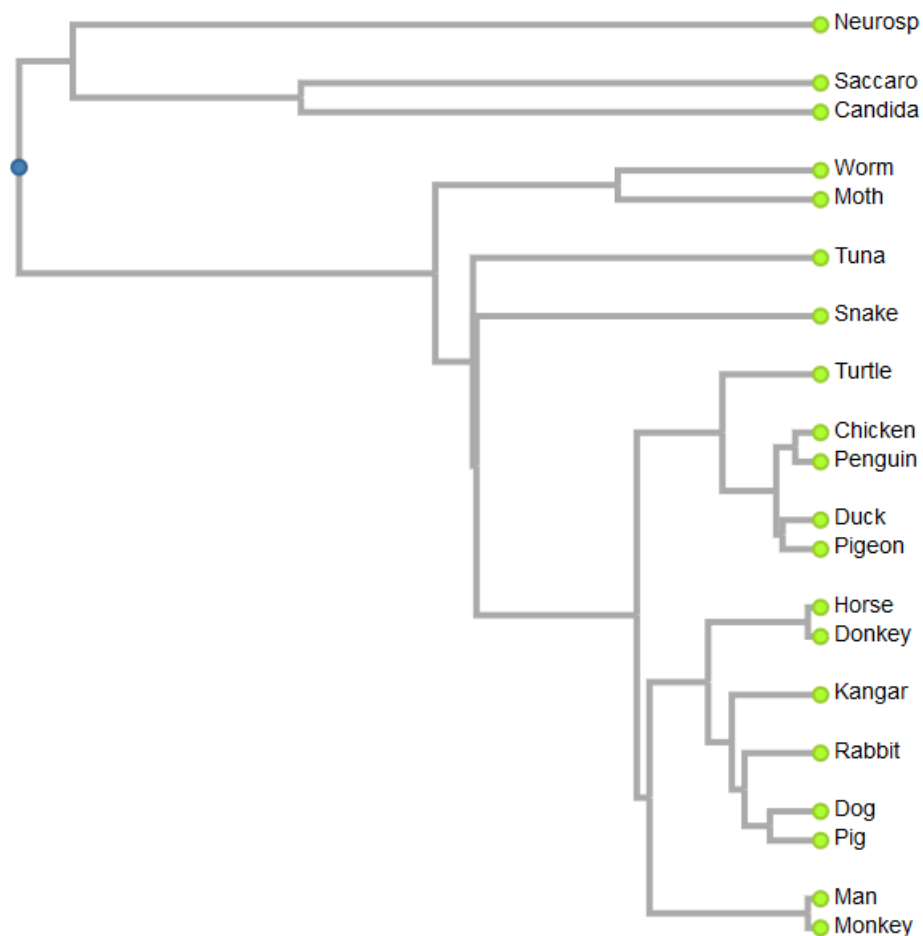
Übungsblatt Nr. 6  
(Abgabetermin 4.06.2018)

### Aufgabe 1

Wir haben uns für das Phylip-Format entschieden. Dabei wird in der ersten Zeile die Anzahl der Taxa bzw. Sequenzen geschrieben. Man kann die Distance-Matrix entweder Quadratisch oder als Lower Triangle Matrix darstellen. Wir haben uns für die zweite Methode entschieden. In diesem Vformat werden nach der ersten Zeile die Taxa aufgelistet rechts daneben steht immer die Distanz von dem jeweiligen Taxa mit allen davor aufgelisteten Taxa. Phylip ist eine Sammlung von Programmen, die von Joseph Felsenstein an der University of Washington entwickelt wurde. Sie beinhaltet ein Werkzeug namens dnadist. Dieses Format kann z.B. Von MEGA generiert werden. Die Datei DistanceMatrixInPhylip.txt enthält eine von Hand geschriebene Version der Distance-Matrix in Phylip Format

### Aufgabe 2

Für die Berechnung des UPGMA Baumes wurde die Internetseite <http://genomes.urv.cat/UPGMA/index.php?entrada=Example6> verwendet.



credits: the dendrogram plot was created from the example at <http://blocks.org/kueda/1036776> and using [d3](#) and [newick.js](#)

Abbildung 1: Ein Phylogenetischer Baum, der mithilfe des UPGMA Algorithmus berechnet wurde

Verglichen mit dem Baum aus "Construction of Phylogenetic Trees, A method based on mutation distances as estimated from cytochrome c sequences is of general applicability" von Walter M. Fitch und Emanuel Margoliash hat dieser Baum zwei Clades, die anders verbunden wurden:

- Pigeon + Duck
- Horse + Donkey + Kangaroo + Rabbit + Dog + Pig

### Aufgabe 3

Zunächst berechneten wir mit Hilfe des Webtools: **Trex-online: Tree Inference** auf der Webseite <http://trex.uqam.ca/index.php?action=trex&menuD=1&method=2> einen phylogenetischen Baum mit dem Neighbor Joining Algorithmus von Saitou und Nei (1987). Wir fügten die Distanztabelle ein und erhalten einen ungerooteten phylogenetischen Baum im Newick-Format (.nw). Durch das Programm FigTree (Tree Figure Drawing Tool) veranschaulichten wir diesen Baum:

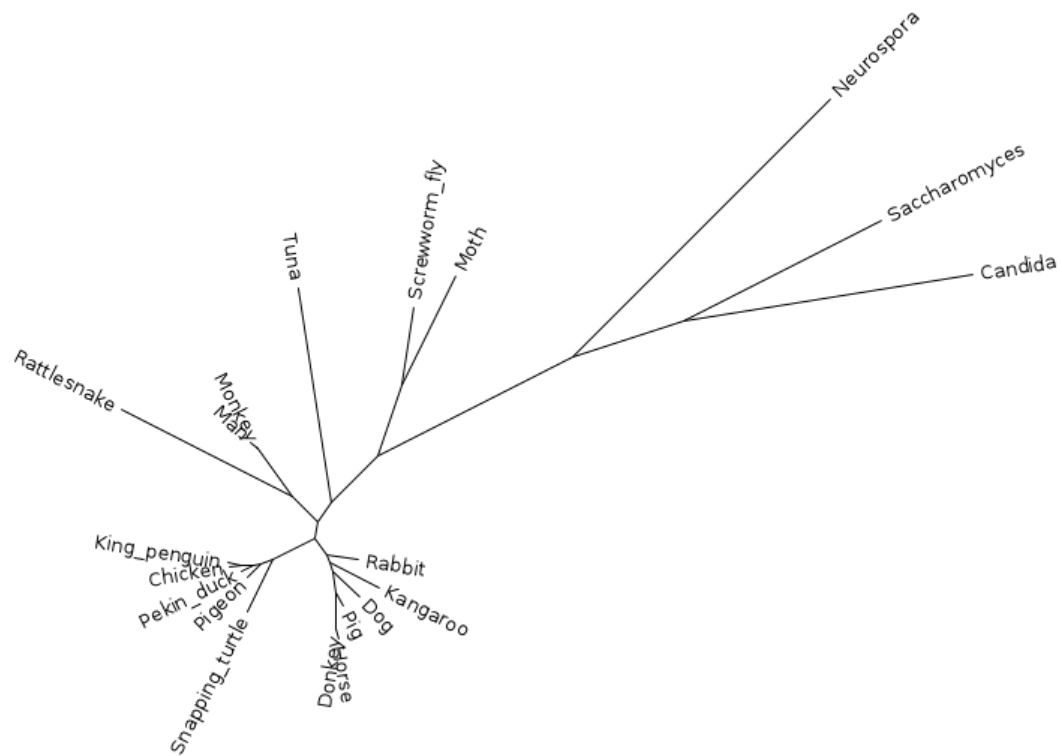


Abbildung 2: Ungerooteter phylogenetischer Baum, der mithilfe des Neighbor-Joining Algorithmus berechnet wurde

Um den phylogenetischen Baum zu rooten, verwendeten wir ebenfalls FigTree. Dabei ist es möglich manuell die Wurzel zu setzen. So konnten wir die Pilz-Spezies als 'outgroup' deklarieren. Folgender gerooteter Baum ergibt sich daraus:

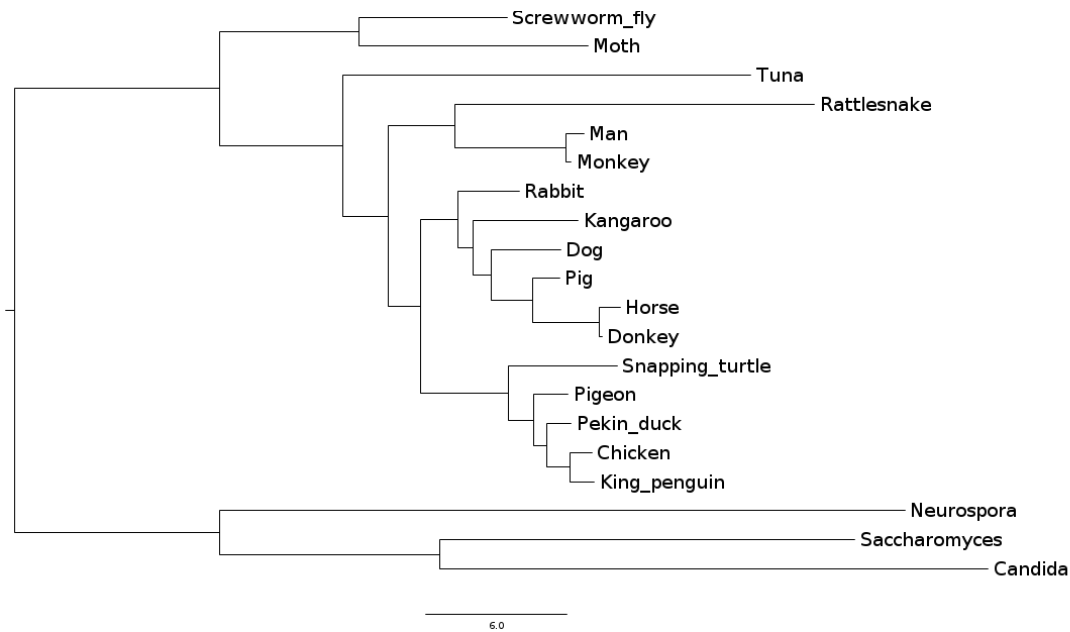


Abbildung 3: Gerooteter phylogenetischer Baum, der mithilfe des Neighbor-Joining Algorithmus berechnet wurde

Überraschenderweise zeigen sich beim Vergleich der phylogenetischen Bäumen, die wir durch den NJ-Algorithmus erhalten haben und den Baum aus Figure 2 des Papers, viele Ähnlichkeiten in Details, aber großen Abweichungen in den gröberen Strukturen. Beispielsweise sind Menschen, Affe und Schlange in einen Clade zusammengefasst. Andererseits ist die phylogenetische Struktur zwischen den Vögeln exakt gleich. Im großen und ganzen stimmen die Topologien jedoch über ein.

Liste der abweichenden Clades:

1. Clade: Klapperschlange, (Mensch, Affe)  
 $\leftarrow$  (Känguruh...), (Mensch, Affe)
2. Clade: Hase, (Känguruh, (Hund, Schwein, Esel, Pferd))  
 $\leftarrow$  Känguruh, (Hase, (Hund, Schwein, Esel, Pferd))