

# Lista 5

## Neighbor Joining

Vilmar Dorneles Aprato Neto<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Informática  
UFRGS

UFRGS, 2018

- 1 Pseudo-código
  - Neighbor Joining
- 2 Resultados encontrados
  - Conclusões

- 1 Pseudo-código
  - Neighbor Joining
- 2 Resultados encontrados
  - Conclusões

# Neighbor Joining

- Tem como entrada uma matrix com a distância de cada par de taxa de elementos;
- O algoritmo começa criando uma árvore não resolvida, que corresponde a uma topologia de estrela, iterando através dos seguintes passos:
  - 1. Baseada na matrix de entrada, se calcula a matrix  $Q$  (explicada no próximo slides)
  - 2. Ache o par de taxa distinta  $i$  e  $j$  (i.e.  $i \neq j$ ) para qual  $Q(i,j)$  tenha o menor valor. Essas taxas são conectadas para um novo nodo, que é conectado ao nodo central.
  - 3. Calcule a distância de cada taxa no par para esse nodo
  - 4. Calcule a distância de cada taxa fora do par para esse nodo
  - 5. Comece o algoritmo de novo, realocando o par de vizinhos já conectados com esse nodo e com as distâncias atualizadas

# A matrix $Q$

É calculada a matrix  $Q$  pela seguinte equação, baseada na matrix de distância relacionando a taxa  $n$  :

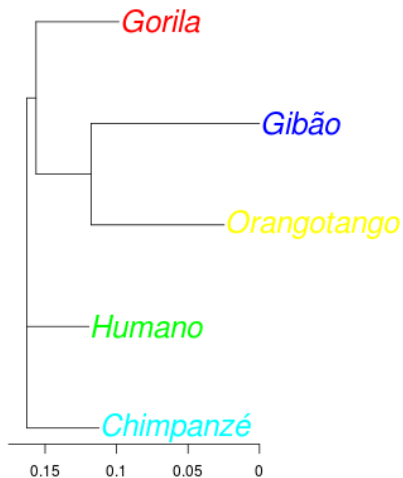
$$Q(i, j) = (n - 2)d(i, j) - \sum_{k=1}^n d(i, k) - \sum_{k=1}^n d(j, k) \quad (1)$$

onde  $d(i, j)$  é distância entre  $i$  e  $j$ .

- 1 Pseudo-código
  - Neighbor Joining
- 2 Resultados encontrados
  - Conclusões

- Foi utilizado a linguagem R para criação da árvore e o uso da library ape para criação da árvore;
- É possível afirmar que o chimpanzé e o ser humano são os mais similares na árvore filogenética;
- Ambos derivaram geneticamente em algum ponto histórico do Gorila, assim como do Oragontango e do Gibão;

# Imagens do Resultados







Wikipedia

[https://en.wikipedia.org/wiki/Neighbor\\_joining](https://en.wikipedia.org/wiki/Neighbor_joining)

Wikipedia, 2018.



Z. Yang, B. Rannala

Molecular phylogenetics: principles and practice

*Nature Reviews*, 2012.