



بسمه تعالی

تمرین سوم درس مقدمه ای بر بیوانفورماتیک

نیم سال دوم سال 1398-1399

مهلت تحویل ساعت 23:55 روز پنجشنبه 1399/4/12

1- جدول زیر فواصل ژنتیکی بین گونه‌های کراکر زرد کوچک (croaker) را نشان می دهد.

Table 2. Mean genetic divergence within (diagonal) and among (below diagonal) four localities of *Larimichthys polyactis*, and *Larimichthys crocea* from Korea and China.

Locality	Q	Z	W	Y
<i>Larimichthys polyactis</i>				
Qingdao (Q)	0.018 ± 0.003			
Zhoushan (Z)	0.015 ± 0.002	0.011 ± 0.002		
Wido (W)	0.018 ± 0.003	0.014 ± 0.003	0.017 ± 0.003	
Yeonpyongdo (Y)	0.016 ± 0.003	0.012 ± 0.002	0.015 ± 0.003	0.014 ± 0.003
<i>Larimichthys crocea</i>	0.449 ± 0.115	0.431 ± 0.108	0.425 ± 0.105	0.435 ± 0.109

Note: Genetic distance values (means ± standard errors) were estimated using the Tamura-Nei plus Gamma model (Tamura and Nei 1993).

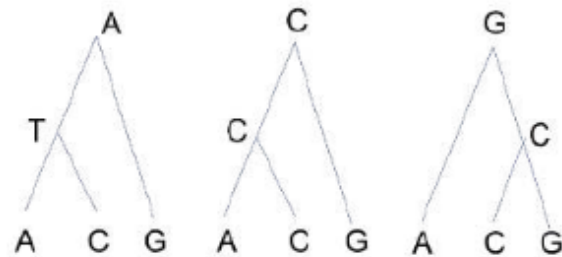
الف) با استفاده از الگوریتم UPGMA درخت فیلوژنی ماتریس فاصله داده شده را رسم کنید. (برای سادگی محاسبات میتوانید اعداد را در 100 ضرب کنید).

ب) با استفاده از الگوریتم NJ درخت فیلوژنی ماتریس فاصله داده شده را بسازید.

ج) آیا UPGMA و NJ درخت‌های یکسانی می‌سازند؟ اگر نه، به نظر شما دلیل این اتفاق چیست؟

2- با استفاده از ماتریس احتمال جهش که در زیر آمده است، احتمال هر سه درخت زیر را محاسبه کرده و از بین آنها درخت ML را مشخص کنید. (فرض کنید $P(A) = P(C) = P(G) = P(T) = 0.25$)

From\To	A	C	G	T
A	0.6	0.1	0.1	0.2
C	0.2	0.6	0.1	0.1
G	0.1	0.1	0.7	0.1
T	0.1	0.2	0.1	0.6



3- فرض کنید یک هم‌ترازی مولکولی شامل 300 site برای 7 گونه متفاوت است. درخت ML این داده یک کلا (clade) از گونه‌های 1 تا 3 دارد. توضیح دهید با روش bootstrap چگونه میتوان 1000 مجموعه داده‌ی bootstrap تولید و میزان صحت این درخت را بررسی کرد.

4- فرض کنید مدل تکاملی Jukes-Cantor مورد استفاده قرار گرفته است و توالی S1 و S2 هم‌تراز شده‌اند و در 10٪ موقعیت‌هایشان با هم متفاوتند.

الف) فاصله‌ی تکاملی بین S1 و S2 چقدر است؟

ب) فرض کنید S2 نیز با 10٪ تغییر به S3 تکامل می‌یابد. فاصله‌ی تکاملی بین S2 و S3 چقدر است؟

ج) اگر فقط اطلاعات دو قسمت قبل را داشته باشید و بدانید که S1 و S3 در 20٪ از موقعیت‌هایشان با هم تفاوت دارند. بدون استفاده از مدل تکاملی JC انتظار دارید فاصله‌ی تکاملی بین S1 و S3 چقدر باشد؟ با در نظر گرفتن 20٪ تفاوت و استفاده از مدل تکاملی JC فاصله‌ی تکاملی بین این دو توالی را محاسبه کنید. این تفاوت را چگونه توجیه می‌کنید.

لطفا به نکات زیر توجه کنید.

1. تمرینات را به صورت انفرادی انجام دهید.
2. pdf پاسخ های خود را با کیفیت مناسب و خوانا اسکن کرده و یا تایپ شده به صورت یک فایل درآورید و با نام "HW4_StudentNumber.pdf" روی quera آپلود کنید.
3. تمیزی و خوانایی پاسخ تمرینات از اهمیت بالایی برخوردار است.
4. در صورتی پیداشدن هرگونه کپی چه در سوال های تشریحی و چه برنامه نویسی نمره ی هر دو نفر ۱۰۰- در نظر گرفته خواهد شد.
5. اشکالات خود را می توانید از طریق ایمیل بپرسید.
Mahdis.sfri98@gmail.com
Najmeh.mohammadbagheri77@gmail.com
6. قاعده ی اعمال جریمه برای ارسال های با تأخیر به صورت زیر است.

$$1d\ 100 - ((25 * delay) / 86400)$$

$$2d\ 75$$

$$3d\ 50$$

