总结人: bayer star

总结思路: 根据老师重点和前人总结

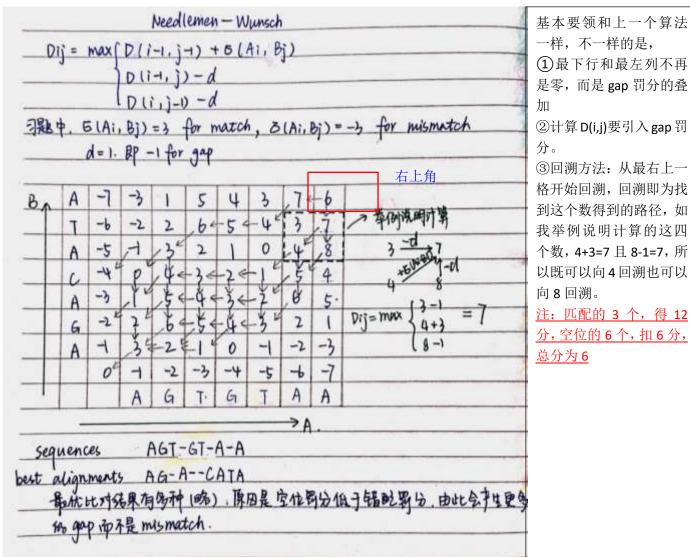
- 1. N-W 算法
- 2. S-W 算法
- 3. The Neighbor Joining Algorithm
- 4. fitch 算法
- 5. Sankoff 算法

1.N-W 算法

、Needleman-Wunsch 算法,简称 N-W 算法教材 P62 一引入 gap 罚分,这个才是最重要的,前面都是引子

引入了空位罚分。以15届的习题为例讲解此方法。

习题: Using a scoring system of +3 for a match, -3 for a mismatch, and -1 for a gap, use the Needleman-Wunsch algorithm to fill in a dynamic programming table and find the best alignment between the sequences AGTGTAA and AGACATA. If there are ties, list all of the best alignments.



②计算 D(i,j)要引入 gap 罚

③回溯方法: 从最右上一 格开始回溯,回溯即为找 到这个数得到的路径,如 我举例说明计算的这四 个数,4+3=7 且 8-1=7,所 以既可以向4回溯也可以

注: 匹配的 3 个,得 12 分,空位的6个,扣6分, NW 算法,为了求一个问题的解,可以求小规模子问题的解。Prefix(s,i)表示序列 s 的长度为 i 的前缀子串。先构造一个(m+1)*(n+1)的二阶矩阵 D, $D_{i,j}$ 表示 prefix(s,i)和 prefix(t,j)的最佳比对得分。当 j=0, $D_{i,0}$ 表示 prefix(s,i)与长度为 i 的空串之间的最优比对得分。

第一步初始化, 先规定 D₀, ₀=0, 由上得:

 $H_{i,0}=g \times i$

 $H_{0,j}=g \times j$

第二步递推计算 D_{i,i}

兀配或替换

prefix(s,i-1)	Si
prefix(t,j-1)	t _j

删除

prefix(s,i-1)	Si
prefix(t,j)	-

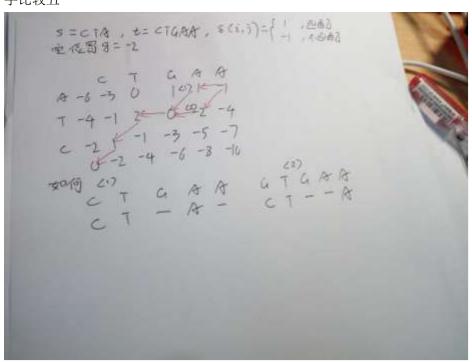
插入

prefix(s,i)	-
prefix(t,j-1)	t _j

这四种情况,替换、删除、插入是有惩罚值的,因此

$$D(i,j) = \max \left\{ \begin{array}{l} D(i-1,j-1) + \sigma(A_i,B_j) \\ D(i-1,j) + c_{\mbox{insert}} \\ D(i,j-1) + c_{\mbox{delete}} \end{array} \right.$$

字比较丑



在箭头的方向上是没有空位的。

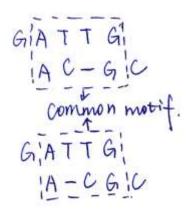
局部比对(Local alignment)ppt34

——Smith-Waterman 算法

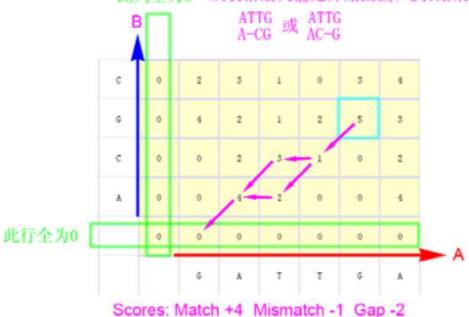
$$D(i, j) = \max \begin{cases} D(i-1, j-1) + \delta(A_i, B_j) \\ D(i-1, j) + g_B \\ D(i, j-1) + g_A \\ 0 \end{cases}$$

相比于 Needleman-Wunsch 算法, 此算法要做三点调整:

- ① 序列对比过程中不存在负分,如出现负值,调整为0;
- ② 和半全局比对类似,在序列 A 和 B 的开头加入 gap 均不需要罚分,因此表格最下行和最 左列设置为 0(不再是 gap 罚分的叠加)。
- ③ 和半全局比对类似,不需要序列 A 或序列 B 中任何一个对比完全,因此从表格中选择所有数值中最大的格子开始回溯(既不是最右上格也不是最上行最大格),到 0 回溯结束。 找到 A 的子串和 B 的子串的 common 部分



此列全为0 从表格最大值处开始回溯,到0结束:



3. The Neighbor Joining Algorithm

4-point condition: 对于每四个 taxa i,j,m,n,有
 d(i,j)+d(m,n)≤max{d(i,m)+d(j,n),d(j,m)+d(i,n)} py133

The Neighbor Joining Algorithm

- 为了简化构建方法,先引入几个概念
 - a) X-trees——X 树是叶的集合,没有非叶的部分,比如根(度为2)、内节点
 - b)由 X-tree 可以定义 X 的成对距离(pairwise distance) ——两个叶 x1 和 x2 之间的距离是 x1 到 x2 的路径的长度。
- 那么,基于距离构建系统发生树的问题就转换为——给定 X 的成对距离,找到 X-tree T,使得由 T 定义的距离尽可能地类似于输入距离
- 于是问题又回来了,如何判断一个从数据中得到的距离矩阵是否有可能用 X-tree 表示?
- 答案是,如果对于所有的叶 a, b, c, d 在 X 中,三个量 d(a,b)+ d(c,d), d(a,c)+ d (b,d)和 d(a,d)+ d(b,c)严格大于其他两个,那么距离 d 是树的距离。
- 进一步具体化构建方法,需要再引入一个概念——Agglomeration(聚集)如果相应的叶子邻近相同的内节点,则在系统发生树中的两个叶子被称为邻居(neighbors)。

于是,系统发生树可以迭代地在小步骤中构建——即聚集

- a) 选择一对 neighbors x, y
- b) 用新的(伪) taxa z 代替 x 和 y, 直到只剩下三个 taxa。
- 那么,该如何聚集,即选择哪一对 taxa 呢?
- 简单的选择,就是直接选成对距离最小的一对叶子,这就可以通过 UPGMA 算法来完成。

进一步优化,就需要不止考虑一对 taxa 的 distance,还要考虑他们与其他 taxa 的距离,这就需要 <u>The Neighbor Joining Algorithm</u>来完成!

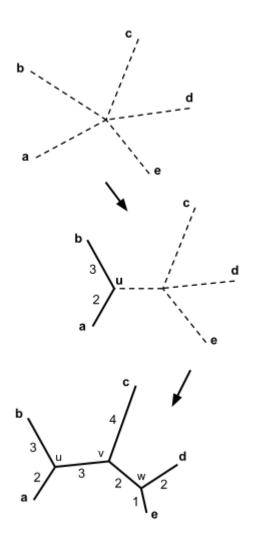
① The Neighbor Joining Algorithm 的运行步骤

The Neighbor Joining Algorithm

的运行步骤:

- 1. <u>计算出距离矩阵,集合 X={a,b,c,d,e}</u>
- 2. 根据 Q 标准,求最小值
- 3. 具有 Q 最小值的 x,y,比如 a,b,认为它们是邻居,插入一个内结点 u
- 4. <u>计算 d(a,u),d(b,u);</u>
- 5. <u>计算 d(u,c),d(u,d),d(u,e)</u>
- 6. <u>重新记 X={u,c,d,e},写出距离矩阵</u>
- 7. 重复 1-6
- 8. <u>直到</u>|X|=3

图解:



1.Q 标准的计算

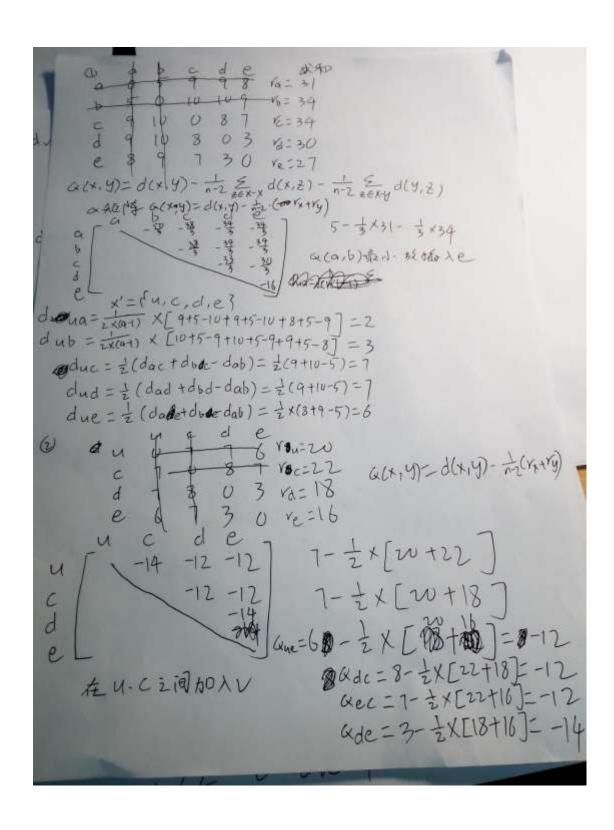
$$Q(x,y) = d(x,y) - \frac{1}{n-2} \sum_{z \in X-x} d(x,z) - \frac{1}{n-2} \sum_{z \in X-y} d(y,z).$$

$$Q(x,y) = d(x,y) - \frac{1}{n-2}(r(x) + r(y)).$$

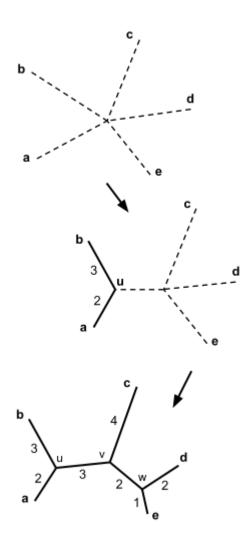
2..d(u,c)

3.d(u,a)的计算

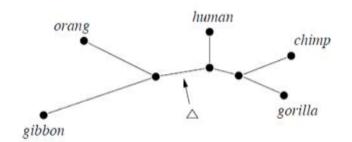
ME / E, die | ME X'-4 校 [从 三 | 火 | - | cidie 可以着作一个整体,记为M 那么dua = 是(dam +dab - dam) +,理由和下 10号任意·一个 40九图一样的 · 科的 47 dam = 1/1 = d (a, 8) dux, = (dx, x2 + dx, x3 - dx, x7) BOM = THI SEM O (D. 3) , AD ATIS: dua = = (the de d(0,2) + dab - = the d(bis)) dua = = 11/ (= (d(a, =) + 10) d (a, b) - d(b, =)) かは一般性 (d(a,t)+d(a,b)-d(b)を) dux = 2(x1-1) = =x-4 (d(x, 2) +d(x,y) -d(y, 2)



```
dvar = 12(34) 2000 d(u, 27+d(u, c)-d(5,2)]
     4 d(u,d)+d(u,c)-d(0,d)+d(u,e)+d(u,e)-d(0,e)
    = 4[1+7-8+6+7-7]=3
 dre = 4[3+7-7+7+7-6]=4
 d 4 03 ra=7
e 3 30 re=6
                 QVd=4-1x(7+7)=-10
                 Que= 3- + x(7+6)=-10
       0 -10
                  (xde=3-+x(7+6)=-10
          0
   V 知日主河路入い
dwe = = = x [ dve + dde - dvd] = = x [3+3-4]=1
               $ ded = 8
              dac=9 ded=3
              d 60 = 10
```

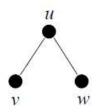


4.fitch 算法



将根节点添加到任何边 自下至上 从叶节点到根节点

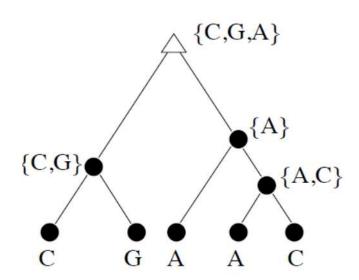
$$\mathcal{U} = \left\{ \begin{array}{ll} \mathcal{V} \cup \mathcal{W}, & \text{if } \mathcal{V} \cap \mathcal{W} = \emptyset \\ \mathcal{V} \cap \mathcal{W}, & \text{else} \end{array} \right.$$

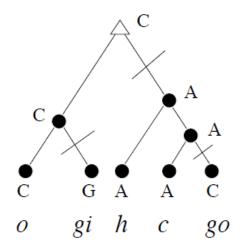


自上至下

从根节点开始至叶节点,内结点被赋予一个碱基的规则是在根节点上,任取 u_{root} 中任何一个元素 x 作为碱基将父节点的核苷酸 u 赋予子节点 v。

$$\left\{ \begin{array}{ll} x, & \text{if } x \in \mathcal{U} \\ \text{any nucleotide}, & \text{else} \end{array} \right.$$





替换数目为 Sij=3

5.Sankoff 算法

本算法采用动态规划计算 Sii

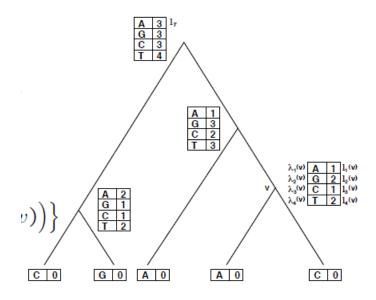
初始: 把任何内部边缘当做树的根, 然后将叶节点的状态赋值为 0.

递归:使 v 是 T 一个的内结点,令 λ_i (v) 是节点 v 的第 i 个状态,li (v) 是当将 λ i 分配给 v 时,以 v 为根的子树的长度。

foreach $\lambda_i(v)$, do

$$\begin{split} l_{i}\left(v\right) &= \\ \sum_{\left(w \text{ child of } v\right)} \min_{j} \left\{ l_{j}\left(w\right) + c\left(\lambda_{j}\left(w\right), \lambda_{i}\left(v\right)\right) \right\} \end{split}$$

 $c\left(\lambda_{j}\left(w\right),\lambda_{i}\left(v\right)\right)$ 是转换的成本函数。



根映射中的最小条目是简约树长度 lt。sancoff 算法从叶节点到根节点依次计算成本向量, 当得到的根节点成本向量后,取最小的成本状态,当两个或多个状态在根节点上同时有最小 成本时,从这些状态里随机选取一个作为根节点的状态。

给出 n 个 taxa,有多少 binary trees

Unrooted
$$U_n = \prod_{i=3}^n (2i-5), \qquad \qquad R_n = \prod_{i=3}^{n+1} (2i-5)$$

n	U_n	R_n
2	1	1
3	1	3
4	3	15
5	15	105
6	105	945
7	945	10395
8	10395	135135
9	135135	2027025
10	2027025	34459425

 $R_{20} = 8\ 200\ 794\ 532\ 637\ 891\ 559\ 375$