

# Aclaraciones a la práctica de PRO2

Primavera 2020

- 6-abr-2020: [Enunciado] Pequeños retoques en la subsección del programa principal; en particular la nota a pie de página número 4 se ha transformado en un nuevo párrafo donde se insiste en que el conjunto de clústers solamente se sincroniza con el conjunto de especies mediante `inicializa_clusters` y `imprime_arbol_filogenetico`. Si tras una aplicación de cualquiera de estas dos operaciones el conjunto de especies sufre altas o bajas, estas no afectan al conjunto de clústers hasta la siguiente sincronización.

- 8-abr-2020: [Enunciado] Un nuevo ítem en la subsección “Decisiones sobre los datos”:

No habrá especies que compartan un mismo gen. Sí que podrá haber especies a distancia 0 (es decir, con el mismo conjunto de  $k$ -meros), pero de cara al algoritmo WPGMA no representan un caso especial.

- 8-abr-2020: [Enunciado] Desempates entre clústers para el método WPGMA: si en algún paso del algoritmo se producen empates en la distancia mínima entre clústers, se elige el par de clústers  $A$  y  $B$  que dé lugar a un nuevo clúster  $C$  con identificador más pequeño.
- 11-abr-2020: [Enunciado] `ejecuta_paso_wpgma`: se especifica que, en caso de que el número de clústers del conjunto sea menor o igual que uno, solamente se debe imprimir un mensaje de error.