# **Elementy Bioinformatyki**

**Temat 15. Filogeneza dystansowa. Typ A.** Dla danej macierzy odległości między liśćmi utworzyć ważone drzewo ukorzenione metodą UPGMA oraz nieukorzenione metodą NJ. Wylistowanie obu drzew oraz możliwość automatycznej weryfikacji zgodności ich topologii (tj. z pominięciem długości krawędzi)

### 1. Opis problemu

Naszym zadaniem było utworzenie programu, który na wejściu otrzymuje macierz odległości między liśćmi, na wyjściu zaś zwraca ważone drzewo ukorzenione metodą UPGMA oraz nieukorzenione metodą NJ. W naszym projekcie nie zaimplementowano mechanizmu automatycznej weryfikacji zgodności topologii otrzymanych drzew.

### 2. Algorytmy

## Algorytm UPGMA

#### Pseudokod:

## Algorytm NJ

Data: ultrametric matrix d for set L.

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

Distance from the pair members to the new node:

$$d'(f,u) = \frac{1}{2}d(f,g) + \frac{1}{2(n-2)}(\sum_{k=1}^{n} d(f,k) - \sum_{k=1}^{n} d(g,k))$$
$$d(g,u) = d(f,g) - d'(f,u)$$

#### Pseudokod:

## 3. Przykładowe dane wejściowe/wyjściowe

## Wejście programu:

Ultrametryczna macierz odległości

```
a,b,c,d,e
0,8,8,5,3
8,0,3,8,8
8,3,0,8,8
5,8,8,0,5
3,8,8,5,0
```

#### Wyjście programu:

Drzewo utworzone przy pomocy metody UPGMA

```
[[8.0]]

|-[[5.0]]

| |-[[3.0]]

| | `---- [[a]]

| `---- [[d]]

`-[[3.0a]]

|---- [[b]]

`---- [[c]]
```

**Drzewo utworzone przy pomocy metody NJ** (pomimo faktu, że algorytm NJ zwraca drzewo nieukorzenione, dla łatwiejszej wizualizacji jest ono zaprezentowane jako drzewo ukorzenione z pewnym węzłem wybranym jako korzeń tegoż drzewa)