

Abstände phylogenetischer Bäume

Barbara Michalski

28. Mai 2013

Abstract

In der Biologie werden phylogenetische Bäume ermittelt, um die Entwicklung und die Abstammung von Arten zu beschreiben. Bei ihrer Erstellung entstehen allerdings mehrere Versionen eines Baumes, aus denen nun ein *durchschnittlicher* ermittelt werden soll, der die Entwicklung bestmöglich beschreibt.

Um einen solchen Stammbaum zu finden, soll zunächst eine effiziente Methode zur Berechnung des Abstandes zweier Bäume gefunden werden. Dazu werden die verschiedenen Bäume als Vektoren in einem Teilraum eines hochdimensionalen reellen Raumes aufgefasst. In diesem wird dann eine stückweise euklidische Distanz definiert, deren zugehöriger Weg nur durch den Teilraum verlaufen darf, der mögliche Bäume repräsentiert. Dabei wird das Problem allerdings so weit abstrahiert, dass die konkreten Auswirkungen auf die Bäume beim Übergang von einem Baum zu einem anderen nicht näher betrachtet werden. Ziel meiner Masterarbeit ist es, dieses Problem wieder auf Bäume zurückzuführen und es im Hinblick auf die resultierenden Eigenschaften zu untersuchen.

In diesem Vortrag werde ich das abstrahierte Problem darstellen, einige Herangehensweisen erläutern und dabei immer einen Bezug zu den Auswirkungen in verschiedenen Bäumen herstellen.