

Technikerstrasse 25/7  
A-6020 Innsbruck  
Telefon: +43 512 507 6071 oder 6097

E-Mail: [mathematik@uibk.ac.at](mailto:mathematik@uibk.ac.at)  
<http://www2.uibk.ac.at/mathematik/>  
Fax: +43 512 507 2920

# MATHEMATIKKOLLOQUIUM

Das Institut für Mathematik lädt zu folgendem Vortrag ein:

**Hans-Jürgen Bandelt**

Universität Hamburg

## Exakte Bestimmung von minimalen Steinerbäumen im Sequenzenraum mittels Zerlegungsstrategien

Da der Sequenzenraum ein Produktraum ist, bieten sich Zerlegungsstrategien an, mit denen man versuchen kann, minimale Steinerbäume von Projektionen in Fasern zu Globallösungen zusammenzusetzen. Die realisierbaren Minimallängen nebst wenigstens einer minimalen Steinerbaumlösung waren schon bei kleinen Datensätzen mit den Pionierarbeiten von Mike Hendy und Kollegen vor gut einem Vierteljahrhundert exakt bestimmbar. Jüngst wurden durch Holland et al. (2005) diese Ansätze wieder aufgegriffen und mittels Computer-unterstützter Suche auf etwas größere Datensätze ausgedehnt. Dabei mußte allerdings die Frage offenbleiben, wie denn alle alternativen minimalen Steinerbäume zu bestimmen seien.

Es gibt zwei triviale Situationen, in denen man alle minimalen Steinerbaumlösungen sofort angeben kann, nämlich falls entweder (1) der Datensatz durch ein zusammenhängendes 1-Schritt-Netzwerk beschrieben ist, oder (2) falls die zugehörige Distanzmatrix eine Baummetrik wiedergibt, die im Sequenzenraum (frei von Homoplasie) realisierbar ist. Durch Kombination dieser beiden Spezialfälle können hinreichende Bedingungen für etwas allgemeinere Datensätze gefunden werden, die es erlauben, in vertretbarer Zeit alle minimalen Steinerbäume aufzulisten. Man strebt nun Zerlegungen an in überschaubare Datensätze, die diesen Bedingungen genügen und wobei die Anzahl zu überprüfender Kombinationen von Projektionslösungen zu Globallösungen klein gehalten wird.

Von der theoretischen Seite her kann man belegen, daß es beliebig große unzerlegbare Datensätze gibt. Auf der praktischen Seite kann man mit dem von Holland et al. (2005) bearbeiteten Beispieldatensatz von Ingman et al. (2000) zeigen, daß man erwarten darf, Datensätze bis hundert Sequenzen auf vielfältige Weise zerlegen und (bei nicht allzu hohem Homoplasieniveau) noch per Hand bearbeiten zu können, so daß alle minimalen Steinerbaumlösungen aufgelistet und evtl. in einem Netzwerk simultan präsentiert werden können.

Zeit: **Montag, den 2. Oktober 2006 um 15<sup>15</sup> Uhr**

Ort: **Viktor-Franz-Hess-Haus, Technikerstrasse 25, HS D**

*Arne Dür*

Gäste sind herzlich willkommen!