

Drzewa filogenetyczne – informatyczne problemy badawcze¹⁾

Jacek BŁAŻEWICZ

Politechnika Poznańska, Instytut Informatyki, ul. Piotrowo 3a, 60-965 Poznań
i Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, ul. Noskowskiego 12/14, 61-704 Poznań

Mariusz RATAJCZAK

Politechnika Poznańska, Instytut Informatyki, ul. Piotrowo 3a, 60-965 Poznań

Otrzymano 30 listopada 2000 roku

Streszczenie. Biologia molekularna jest dziedziną, która obecnie coraz szerzej korzysta ze zdobyczy informatyki. W artykule przedstawiono zagadnienia związane z konstruowaniem drzew filogenetycznych. Drzewa te wykorzystuje się przede wszystkim do obrazowania historii ewolucji gatunków. Dane, na podstawie których buduje się takie drzewa, to m. in. sekwencje DNA. Opracowanie zawiera również koncepcje wybranych algorytmów oraz wyjaśnienie niektórych aspektów porównywania drzew filogenetycznych.

Słowa kluczowe: drzewa filogenetyczne, modele odległości, kryterium wiarygodności, kryterium oszczędności, perfekcyjny filogen, ewolucja, drzewo zgodności, DNA

¹⁾ Praca wykonana częściowo w ramach grantu KBN 8 T11F018 15.