

Stammbäume

[Außermathematische Anwendungen im Mathematikunterricht](#)

WS 2012/13

[Franz Embacher](#), Universität Wien

Beispiele für Distanzmatrizen zur Anwendung der **UPGMA**-Methode (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) der Stammbaumrekonstruktion

Beispiel 1: Gorilla – Schwein – Kaninchen

(Hämoglobin-Alpha-Kette-Distanzen)

siehe <http://homepage.univie.ac.at/franz.embacher/Lehre/aussermathAnw/Baeume.html>

Beispiel 2: frühe Wanderungen der Menschheit

(Blutgruppen-Distanzen)

siehe <http://homepage.univie.ac.at/franz.embacher/Lehre/aussermathAnw/Baeume.html>

Beispiel 3:

(Hämoglobin-Alpha-Kette-Distanzen)

	Nilkrokodil	Känguru	Gürteltier	Pferd	Mensch
Nilkrokodil	0	43	46	40	44
Känguru	43	0	30	28	27
Gürteltier	46	30	0	21	25
Pferd	40	28	21	0	17
Mensch	44	27	25	17	0

Beispiel 4:

(Hämoglobin-Alpha-Kette-Distanzen)

	Ochsenfrosch	Nilkrokodil	Strauß	Pferd	Mensch
Ochsenfrosch	0	66	63	60	61
Nilkrokodil	66	0	34	40	44
Strauß	63	34	0	43	44
Pferd	60	40	43	0	17
Mensch	61	44	44	17	0

Für weitere Daten siehe

<http://homepage.univie.ac.at/franz.embacher/Lehre/aussermathAnw2011/BeispieleDistanzmatrizen.pdf>.

Anwendung des Verfahrens anhand von **Beispiel 4**:

Matrix 1

	Fr	Kr	St	Pf	Me
Frosch (Fr)					
Krokodil (Kr)	66				
Strauß (St)	63	34			
Pferd (Pf)	60	40	43		
Mensch (Me)	61	44	44	17	

→ Zusammenfassen: {Pf,Me}

Matrix 2

	Fr	Kr	St	{Pf,Me}
Fr				
Kr	66			
St	63	34		
{Pf,Me}	60.5	42	43.5	

→ Zusammenfassen: {S,Kr}

Matrix 3

	Fr	{St,Kr}	{Pf,Me}
Fr			
{St,Kr}	64.5		
{Pf,Me}	60.5	42.75	

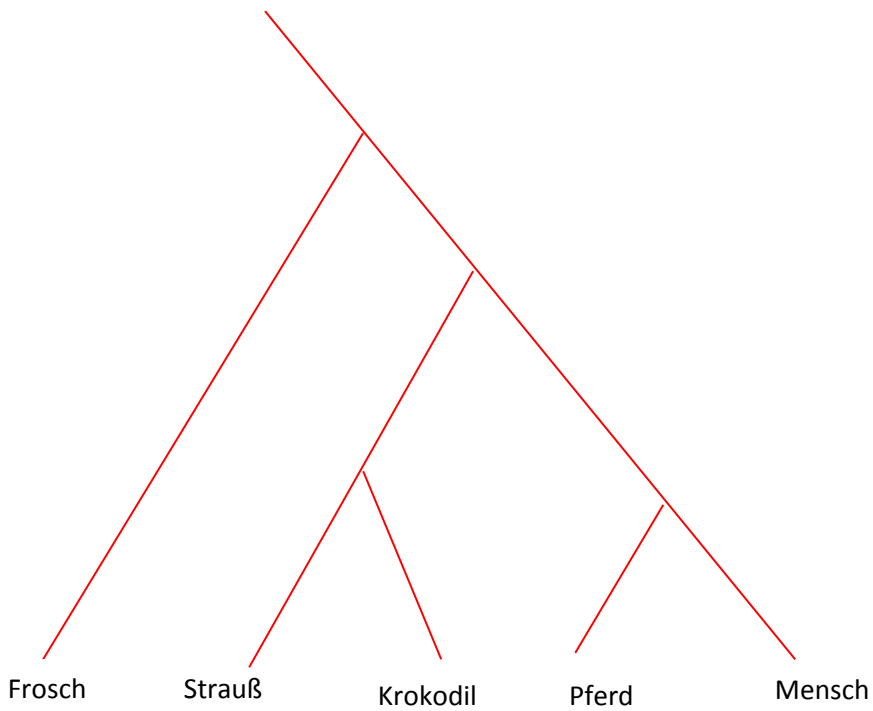
→ Zusammenfassen: {{Pf,Me},{St,Kr}}

Matrix 4

	Fr	{{Pf,Me},{St,Kr}}
Fr		
{{Pf,Me},{St,Kr}}	62.5	

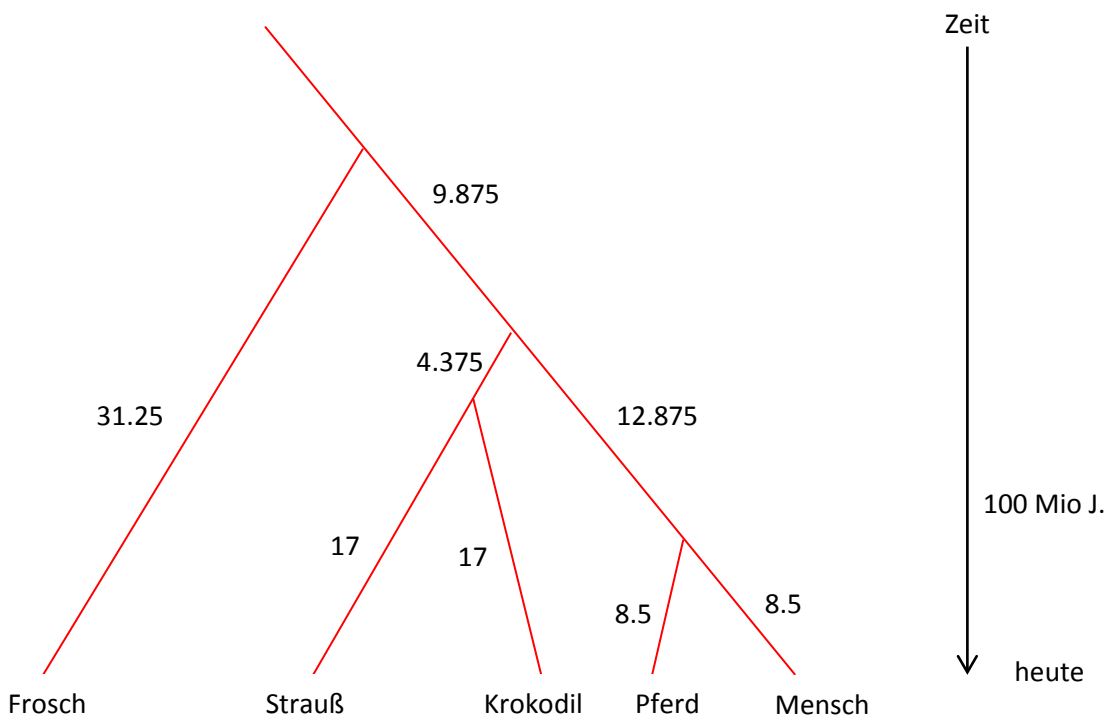
→ Struktur des Stammbaums: {Fr,{{Pf,Me},{St,Kr}}}

Stammbaum (logische Struktur):



Stammbaum mit Zeitschätzung:

Zur **Kalibrierung** der „Hämoglobin-Uhr“ werden **Mensch** und **Rind** verwendet. Sie weisen **17** unterschiedliche Aminosäuren in der Alpha-Kette auf und haben sich vor etwa **80** Millionen Jahren getrennt.



Den Zahlenangaben (nicht gerundet zur besseren Erkennung!) liegen die gemittelten Distanzen zwischen den jeweiligen Gruppen zugrunde. Sie werden „von unten nach oben“ konstruiert und so auf die Pfade aufgeteilt, dass sie einem ungefähren Zeitmaß entsprechen *könnten*. Sie reproduzieren aber *nicht* exakt die Distanzen der ursprünglichen Matrix, da die „molekulare Uhr“ nicht exakt gleichmäßig tickt!