

# Stammbäume

[Außermathematische Anwendungen im Mathematikunterricht](#)

WS 2014/15

[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/aussermathAnw2014/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   |         |

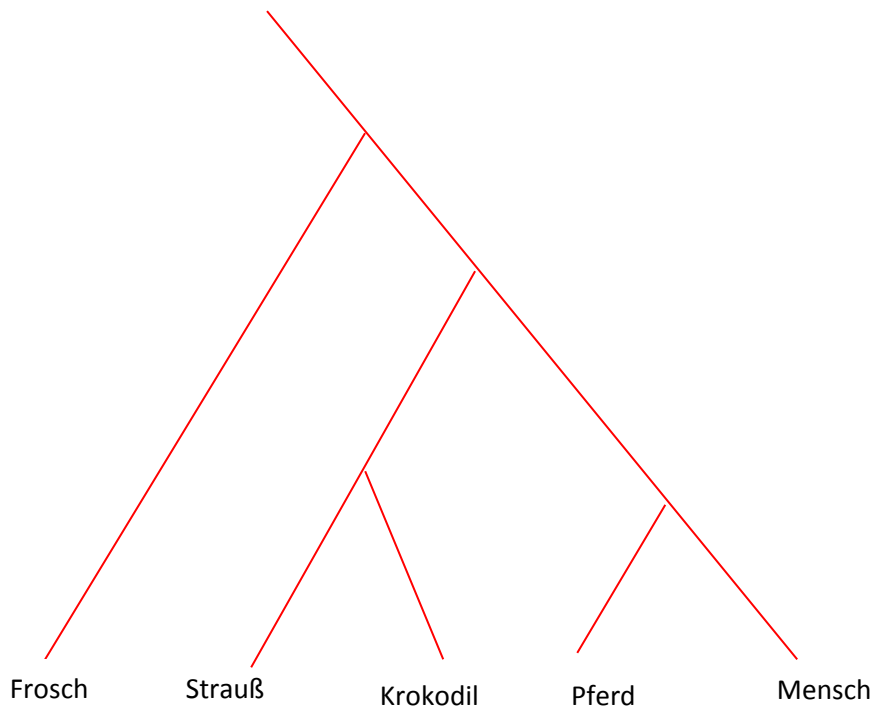
→ Zusammenfassen: {{Pf,Me},{St,Kr}}

Matrix 4

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

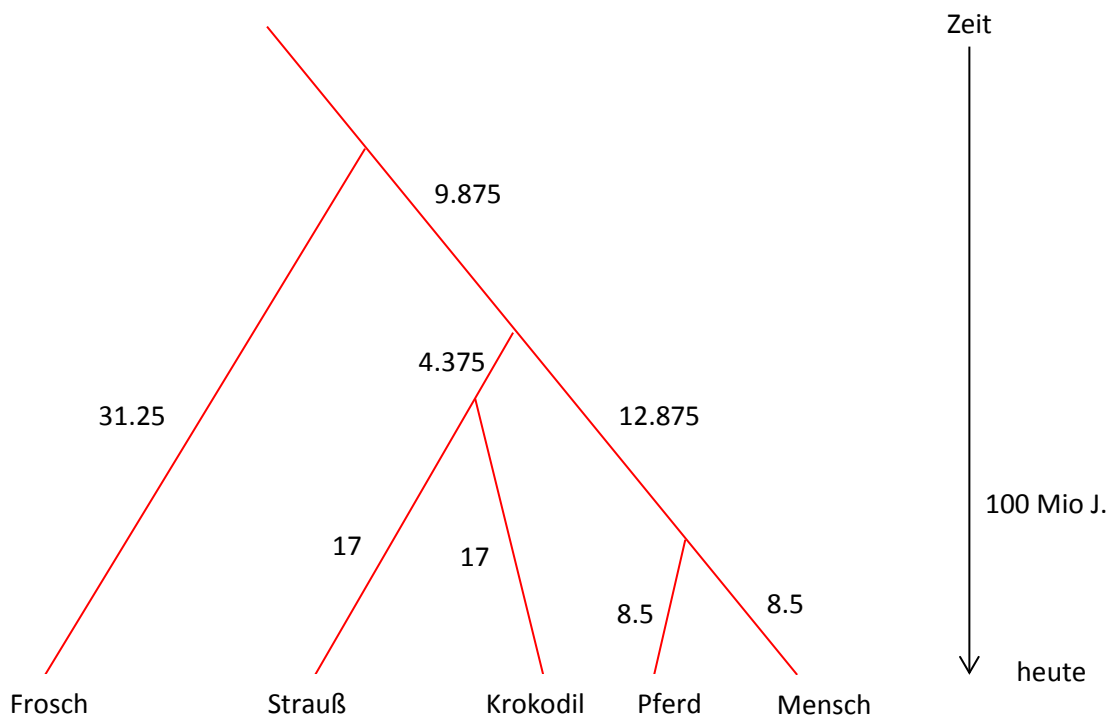
→ Struktur des Stammbaums: {Fr,{{Pf,Me},{St,Kr}}}

### 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!