

國立東華大學應用數學系

專題演講

主講人：張裕昇博士

國立政治大學統計科學研究所

講題：An Enumerative and Probabilistic Study of Various
Phylogenetic Network Classes

多種系統發生網路類別的計數與機率研究

時間：115年09月23日(星期三) 10:10-12:00

地點：理工一館A318教室

摘要

Phylogenetic networks are essential graphical models in evolutionary biology, used to represent complex non-vertical inheritance events such as hybridization, horizontal gene transfer, and recombination. While phylogenetic trees have been extensively studied, the mathematical properties of networks remain a challenging frontier in bioinformatics.

This talk presents a comprehensive study of four core classes of phylogenetic networks: Tree-child (TC), Galled (GN), Reticulation-visible (RV), and Galled Tree-child (GTC) networks, alongside a generalization of TC networks to the d -combining case. By employing the Component Graph Method and advanced tools from Analytic Combinatorics including generating functions, singularity analysis, the Laplace method, and the Lagrange inversion formula we provide a rigorous framework for their enumeration.

系統發生網路(Phylogenetic networks) 是演化生物學中不可或缺的圖形模型，用於表示雜交、水平基因轉移和重組等複雜的非垂直遺傳事件。儘管系統發生樹(Phylogenetic trees) 已被廣泛研究，但網路的數學性質仍是生物資訊學(bioinformatics) 中一個具挑戰性的前沿領域。

本次演講呈現了對四個核心系統發生網路類別的全面研究：Tree-child (TC)、Galled (GN)、Reticulation-visible (RV) 以及 Galled Tree-child (GTC) 網路，以及將 TC 網路推廣至 d -結合(d -combining) 情況的研究。透過採用組件圖方法(Component Graph Method) 以及來自解析組合學(Analytic Combinatorics) 的進階工具，包括生成函數、奇異點分析、拉普拉斯方法和拉格朗日反演公式，我們為其計數提供了一個嚴謹的框架。

Keywords: Phylogenetic network (系統發生網路), Enumeration (枚舉/計數), Asymptotic counting (漸近計數), Component graph method (組件圖方法), Analytic Combinatorics (解析組合), Generating function (生成函數), Singularity analysis (奇異點分析), Stretched exponential (伸展指數), Sackin Index (Sackin 指標)

※※※

歡

迎

參

加

※※※

se1150923