תקציר

בזכות פריצות הדרך בריצוף גנטי בקצב גבוה השתפרה משמעותית יכולתנו לחקור את היסטוריית האבולוציה של מינים באמצעות מודלים דמוגרפיים מפורטים. גישה פופולרית להסקת פרמטרים של מודלים דמוגרפיים אלו היא לדגום גנאולוגיות מעל לוקוסים קצרים ובלתי תלויים, באמצעות אלגוריתמי שרשראות-מרקוב מונטה-קרלו. השימוש של אלגוריתמים אלו במודלי התמזגות גנאולוגיות מפורשים מקנה להם כוח רב בתהליך הסקת פרמטרים דמוגרפיים, אך יכולתם לשערך את התאימות בין המודל לנתונים הגנטיים מוגבלת. מטרת מחקרנו היא לבחון גישה חדשה, המבוססת על גורמים בייסיאנים יחסיים, לניצול תהליכי דגימת הגנאולוגיות הללו לטובת השוואה, בחינה ובחירה בין מודלים אבולוציונים שונים.

עבודה זו בוצעה בהדרכתו של דר' אילן גרונאו מבי"ס אפי ארזי למדעי המחשב, המרכז הבינתחומי, הרצליה.



# המרכז הבינתחומי בהרצליה

בית-ספר אפי ארזי למדעי המחשב

התכנית לתואר שני (M.Sc.) - מסלול מחקרי

שיטה בייסיאנית חדשה להשוואת מודלים פילוגנטיים

מאת

**רון ויסבורד**

עבודת תזה המוגשת כחלק מהדרישות לשם קבלת תואר מוסמך M.Sc.

במסלול המחקרי בבית ספר אפי ארזי למדעי המחשב, המרכז הבינתחומי הרצליה

אפריל 2018