

# Autour du Maximal Agreement Subtree

Thomas BUDZINSKI

Considérons deux arbres binaires  $T$  et  $T'$  dont les feuilles sont étiquetées de 1 à  $n$ . Quelle est la taille du plus grand sous-ensemble  $A$  de  $\{1, \dots, n\}$  tel que les sous-arbres de  $T$  et de  $T'$  induit par  $A$  sont identiques ? Dans le cas où  $T$  et  $T'$  sont aléatoires uniformes et indépendants, un argument brutal [2] montre que cette taille est d'au plus  $n^{1/2}$ , ce qui avait été conjecturé comme optimal par les biologistes. La meilleure borne inférieure connue, elle, est proche de  $n^{0,446}$  [1, 3]. Le but sera de montrer que la taille du plus grand sous-arbre commun est  $O(n^{1/2-\varepsilon})$  pour un certain (tout petit)  $\varepsilon > 0$ . De manière peut-être un peu surprenante, le problème est relié à la question suivante : étant donné deux copies indépendantes de l'arbre brownien, existe-t-il un homéomorphisme  $\alpha$ -Hölderien qui envoie l'un sur l'autre ?

Travail en cours avec Delphin Sénizergues.

## References

- [1] D. J. ALDOUS, *On the largest common subtree of random leaf-labeled binary trees*, SIAM J. Discrete Math., 36 (2022), pp. 299–314.
- [2] D. BRYANT, A. MCKENZIE, AND M. STEEL, *The size of a maximum agreement subtree for random binary trees*, in Bioconsensus. DIMACS working group meetings on bioconsensus, October 25–26, 2000 and October 2–5, 2001, DIMACS Center, Providence, RI: American Mathematical Society (AMS), 2003, pp. 55–65.
- [3] A. KHEZELI, *An improved lower bound on the largest common subtree of random leaf-labeled binary trees*, (2022).