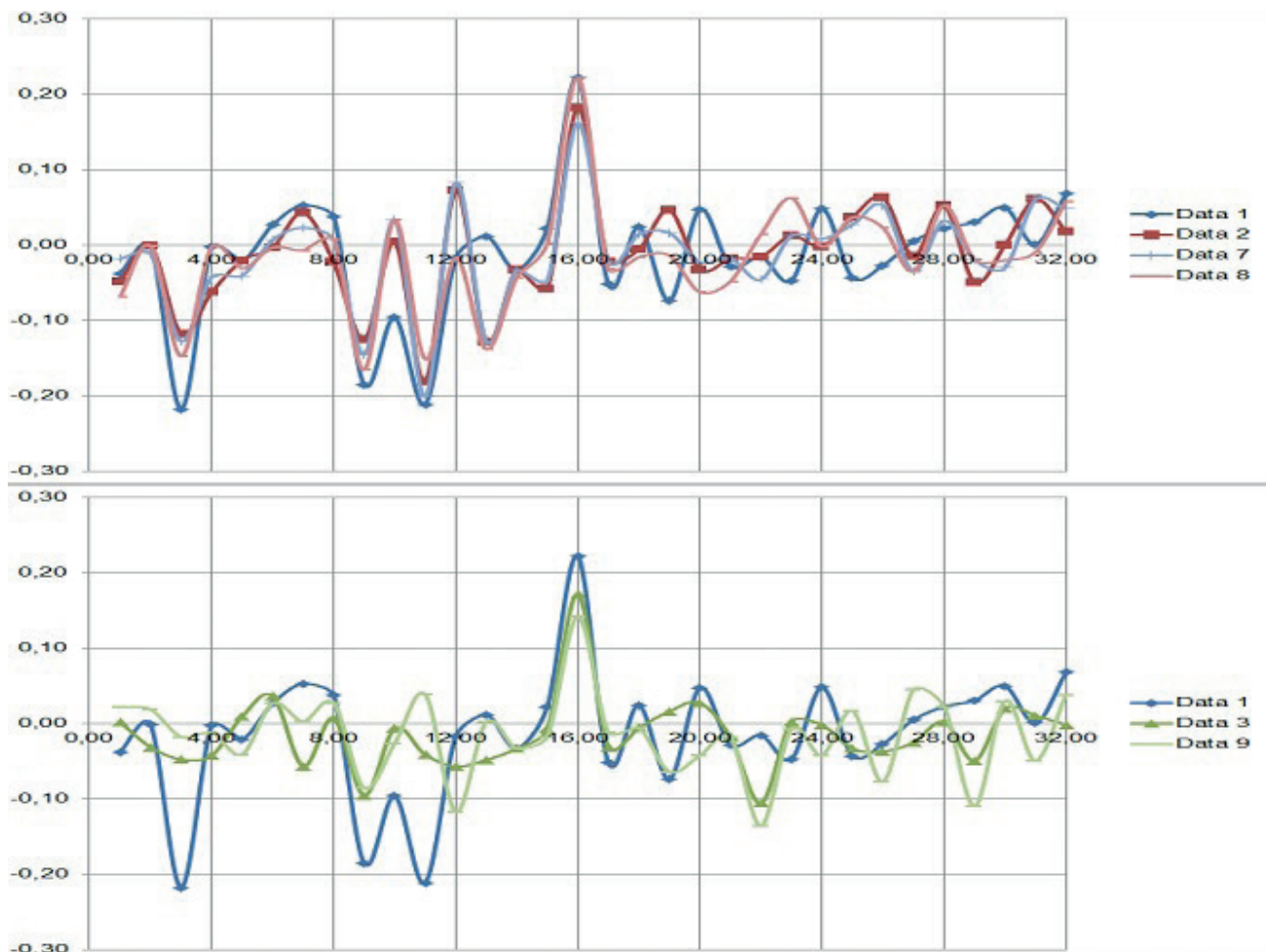


# The Quadruple Method in Bioinformatics

Beiträge zur Bioinformatik  
Band 4

Uwe Kraeft



**The Quadruple Method in  
Bioinformatics**

**Beiträge zur Bioinformatik**

**Band 4**

**(Contributions to Bioinformatics, Vol. 4)**

**Uwe Kraeft**

**2020**

Cover:

*Homo sapiens* (1), *Gorilla gorilla* (2), *Gorilla gorilla gorilla* (7), *Gorilla beringei g.* (8)  
lower diagram: *Homo sapiens* (1), *Pan troglodytes* (3), *Pan paniscus* (9)  
differences of the triple frequencies 1 until 32 from mean  
sequence AAA, AAG, AAT, AAC, AGA, ..., GCT, GCC  
see pages 3 until 5 in the text

Berichte aus der Medizinischen Informatik und Bioinformatik

**Uwe Kraeft**

**The Quadruple Method in Bioinformatics**

Beiträge zur Bioinformatik Band 4

Shaker Verlag  
Düren 2020

**Bibliographic information published by the Deutsche Nationalbibliothek**

The Deutsche Nationalbibliothek lists this publication in the Deutsche Nationalbibliografie; detailed bibliographic data are available in the Internet at <http://dnb.d-nb.de>.

Copyright Shaker Verlag 2020

All rights reserved. No part of this publication may be reproduced, stored in a retrieval system, or transmitted, in any form or by any means, electronic, mechanical, photocopying, recording or otherwise, without the prior permission of the publishers.

Printed in Germany.

ISBN 978-3-8440-7236-5

ISSN 1432-4385

Shaker Verlag GmbH • Am Langen Graben 15a • 52353 Düren

Phone: 0049/2421/99011-0 • Telefax: 0049/2421/99011-9

Internet: [www.shaker.de](http://www.shaker.de) • e-mail: [info@shaker.de](mailto:info@shaker.de)

## Preface

This book is the fourth volume of the “Beiträge zur Bioinformatik” (contributions to bioinformatics) (see page 138), in which several previous results of the Quadruple Method and partially of the Triple Method can be found.

After an introduction follow

a comparison of triple and quadruple procedures for Hominidae and Bivalvia, examples of genes and chromosomes (CCR5, GGCX, LCT, TTN, PAX8, TBR1, S100P, ERBB2, and the chromosomes 1, 5, 11, 17, and 21 of Hominidae), examples of Gastropoda (Architaenioglossa; Littorinimorpha; Conoidea), examples of Echinodermata (Holothuroidea; Crinoidea and Asteroidea; Echinoidea), examples of Primates

(Hominidae and Cercopithecinae 2 (Haplorrhini, Catarrhini);

Hominidae and Platyrrhini generally (Haplorrhini);

Hominidae and *Macaca* (Haplorrhini, Catarrhini);

Hominidae (Haplorrhini), *Daubentonia*, Lemuridae (Strepsirrhini),  
and *Trichosurus* (Marsupialia);

Cheirogaleidae (Strepsirrhini);

Lepilemuridae (Strepsirrhini)),

the phylogenesis of recent and fossil species such as

an “evolution” of triple frequencies of *Homo sapiens* compared with those of plants and animals.

Further, a list of the used program modules, a choice of own bioinformatic literature, a short overview of the importance of mitochondria for man’s health, and calculations about the phylogenetic tree of *Homo sapiens neanderthalensis* are added.

The aim of this and similar investigations is a sensible taxonomy and “right“ phylogenesis and last but not least an “understanding“ of evolution also with respect to the meaning, use, and right of artificial genes’ changes by modification of existing genes, which can also have an unknown advantage.

The results are shown for the most part in easily understandable tables, which description in words wouldn’t give much profit and would unnecessarily blow up the text.

Statements about similarities refer exclusively to the here given comparison by the used procedures.

The book represents the author’s opinion and knowledge. The content is carefully checked for errors, which cannot be excluded. A guarantee or warranty for the text’s correctness cannot be given. I would appreciate discussions, remarks, and hints if there are mistakes.

## Vorwort

Dieses Buch ist der vierte Band der „Beiträge zur Bioinformatik“ (siehe Seite 138), in dem mehrere vorhandene Ergebnisse der Quadrupelmethode und der Tripelmethode zu finden sind.

Nach einer Einführung folgen

ein Vergleich der Tripel- und Quadrupelverfahren für die Hominidae und Bivalvia, Beispiele von Genen und Chromosomen (CCR5, GGCX, LCT, TTN, PAX8, TBR1, S100P, ERBB2 und die Chromosomen 1, 5, 11, 17 und 21 der Hominidae), Beispiele der Gastropoda (Architaenioglossa; Littorinimorpha; Conoidea), Beispiele der Echinodermata (Holothuroidea; Crinoidea und Asteroidea; Echinoidea), Beispiele der Primates

(Hominidae und Cercopithecinae 2 (Haplorrhini, Catarrhini);

Hominidae und Platyrrhini allgemein (Haplorrhini);

Hominidae und *Macaca* (Haplorrhini, Catarrhini);

Hominidae (Haplorrhini), *Daubentonia*, Lemuridae (Strepsirrhini) und *Trichosurus* (Marsupialia);

Cheirogaleidae (Strepsirrhini);

Lepilemuridae (Strepsirrhini)),

die Phylogenese von rezenten und fossilen Arten sowie

eine „Evolution“ der Tripelhäufigkeiten des *Homo sapiens* im Vergleich mit denen der Pflanzen und Tiere.

Weiterhin sind eine Liste der benutzten Programmbausteine, eine Liste der eigenen bioinformatischen Veröffentlichungen, ein kurzer Überblick zur Bedeutung der Mitochondrien für die Gesundheit des Menschen sowie Berechnungen zum Stammbaum vom *Homo sapiens neanderthalensis* beigefügt.

Das Ziel dieser und ähnlicher Untersuchungen ist ein Beitrag zu einer sinnvollen Taxonomie sowie „richtigen“ Phylogenese und letztendlich das „Verstehen“ der Evolution auch im Hinblick auf den Nutzen sowie die Berechtigung von künstlichen Genveränderungen durch die Modifizierung von vorhandenen Genen, die auch einen unbekanntem Vorteil haben können.

Die Ergebnisse werden weitestgehend in leicht verständlichen Tabellen dargestellt, deren verbale Fassung wenig Gewinn bringen und den Text nur unnötig aufblähen würde.

Aussagen über Ähnlichkeiten beziehen sich ausschließlich auf den hier durchgeführten Vergleich mit den verwendeten Verfahren.

Das Buch stellt die Meinung des Autors nach dessen Kenntnissen dar. Der Inhalt wurde sorgfältig auf Fehler geprüft, die aber nicht gänzlich ausgeschlossen werden können. Eine Gewährleistung oder Garantie für die Richtigkeit des Textes kann nicht übernommen werden. Ich bin für entsprechende Hinweise oder Verbesserungsvorschläge dankbar.

Content	page
1. Introduction - - - - -	1
2. Mathematical introduction - - - - -	7
3. Procedures' comparison of triples and quadruples - -	9
3.1 Example of the Triple and Quadruple Method: Hominidae	9
3.2 Example of the Triple and Quadruple Method: Bivalvia	13
4. Examples of genes and chromosomes - - - - -	25
4.1 Mitochondrial genes of Hominidae (Triple Method) -	25
4.2 The gene CCR5 (chromosome 3) of Hominidae (Quadruple Method) - - - - -	36
4.3 The genes GGCX, LCT, TTN, PAX8, and TBR1 (chromosome 2) of Hominidae - - - - -	40
4.4 The genes S100P (chromosome 4) and ERBB2 (chromosome 17, 5) of Hominidae - - - - -	48
4.5 The chromosomes 1, 5, 11, 17, and 21 of Hominidae	53
5. Examples of Gastropoda - - - - -	55
5.1 Architaenioglossa - - - - -	55
5.2 Littorinimorpha - - - - -	59
5.3 Conoidea - - - - -	63
6. Examples of Echinodermata - - - - -	67
6.1 Holothuroidea - - - - -	67
6.2 Crinoidea and Asteroidea - - - - -	71
6.3 Echinoidea - - - - -	75
7. Examples of Primates - - - - -	79
7.1 Hominidae and Cercopithecinae 2 (Haplorrhini, Catarrhini)	79
7.2 Hominidae and Platyrrhini generally (Haplorrhini) -	83
7.3 Hominidae and <i>Macaca</i> (Haplorrhini, Catarrhini) -	87
7.4 Hominidae (Haplorrhini), <i>Daubentonia</i> , Lemuridae (Strepsirrhini), and <i>Trichosurus</i> (Marsupialia)	91
7.5 Cheirogaleidae (Strepsirrhini) - - - - -	95
7.6 Lepilemuridae (Strepsirrhini) - - - - -	99
8. Phylogenesis of recent species - - - - -	103
9. Phylogenesis of fossil species - - - - -	109
10. "Evolution" of triple frequencies of <i>Homo sapiens</i> compared with those of plants and animals - -	127
Choice of used program modules - - - - -	137
Choice of own literature - - - - -	138
Addendum 1: Mitochondria and health - - - - -	139
Addendum 2: <i>Homo sapiens neanderthalensis</i> - - - - -	142
Addendum 3: Sums of quadratic differences in dependence of absolute linear differences of triples from 24 Bivalvia	148