





# **Bivalvia - Bivalves - Muscheln**

## **Band 4**

**Uwe Kraeft**

**&**

**Michael Kraeft**

**2017**



Berichte aus der Geowissenschaft

**Uwe Kraeft & Michael Kraeft**

**Bivalvia - Bivalves - Muscheln**

Band 4

Shaker Verlag  
Aachen 2017

**Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek**

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

Copyright Shaker Verlag 2017

Alle Rechte, auch das des auszugsweisen Nachdruckes, der auszugsweisen oder vollständigen Wiedergabe, der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen und der Übersetzung, vorbehalten.

Printed in Germany.

ISBN 978-3-8440-4961-9

ISSN 0945-0777

Shaker Verlag GmbH • Postfach 101818 • 52018 Aachen

Telefon: 02407 / 95 96 - 0 • Telefax: 02407 / 95 96 - 9

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

## Vorwort

Dieses Buch ist eine Fortsetzung des dritten Bandes der

„Bivalvia - Bivalves - Muscheln“

der Autoren. Der Schwerpunkt der vorliegenden Darstellungen liegt wieder bei der Molekulargenetik und nach der näheren Beschreibung des Tripelverfahrens in Band 3 insbesondere bei der Prüfung und Anwendung des Quadrupelverfahrens (Quadruple Procedure) als weiteres Beispiel der n-Tupelmethode (n-Tuple Method) und des n-Tupelverfahrens (n-Tuple Procedure) durch intermittierendes Scannen der Basen und Basenpaare von vollständigen mitochondrialen Genomen in Form von überlappenden n-Tupeln unter Nutzung von verschiedenen Auswertungsverfahren. Die Ergebnisse wurden bereits zum Teil in

[www.kraeftcollections.de](http://www.kraeftcollections.de)

veröffentlicht.

Während die Untersuchungen zunächst mit wissenschaftlichen Fragestellungen der Ähnlichkeit/Verwandtschaft, Taxonomie und Phylogenie durchgeführt wurden, haben die Ergebnisse auch praktische Konsequenzen im Hinblick auf eine Ordnung und Nachvollziehbarkeit der Genombestimmungen bis hin zu Plausibilitätsprüfungen der Sequenzanalysen mit dem n-Tupeltest (Tripeltest, Quadrupeltest, ...) und juristischen Anwendungen; darüber hinaus können zufällige und gezielte Genomveränderungen beobachtet und in ihrem Umfang sowie den zu erwartenden phylogenetischen Auswirkungen allein auf mathematischem Weg und ohne irgendwelche Annahmen, wie zum Beispiel Wahrscheinlichkeiten, eingeordnet sowie beurteilt werden.

Auf den folgenden Seiten werden eine Einführung in das Quadrupelverfahren, die Bivalvia im Vergleich mit einigen Gastropoda, Annelida, Brachiopoda, Phoronida, Bryozoa und Crustacea, Summen der Minima der Häufigkeiten von gleichen Basenpaartripeln im Vergleich verschiedener Arten, die Beziehungen der Bivalvia, Pteriomorphia, Veneroida sowie Unionoida nach dem Quadrupelverfahren, die Zusammenfügung von Genomteilen, ein Vergleich des Tripel-/ Quadrupelverfahrens mit dem Sequenzalignment und die morphologischen Beziehungen der Rudisten und Brachiopoden beschrieben; in einem Anhang sind die verwendeten Programme GENOM4, INVERS und ROTATION, eine statistische Betrachtung, die Untersuchung von 8 Bacteria und 8 Archaea nach dem Quadrupelverfahren sowie weitere Anmerkungen zu finden.

Die ausgewählten Literaturzitate betreffen nicht nur die Übernahme von Inhalten, sondern sind auch ein Hinweis auf weiterführende Werke.

Das Buch stellt die Meinung der Autoren nach deren 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. Wir sind für entsprechende Hinweise oder Verbesserungsvorschläge dankbar.

## Preface

This book is written in continuation of the third volume of the authors'

„Bivalvia - Bivalves - Muscheln“

The main subject of the text is again molecular genetics and, after a description of the Triple Procedure in volume 3, the test and application of the Quadruple Procedure as additional example of the n-Tuple Method and the n-Tuple Procedure by intermitted scanning of bases and base pairs of complete mitochondrial genomes with overlapping n-tuples in using different procedures. A part of the results has already been published in

[www.kraeftcollections.de](http://www.kraeftcollections.de).

While the investigations have been primarily conducted with scientific themes of similarity/relationship, taxonomy and phylogenesis, the results have also practical consequences with respect to an order and comprehensiveness of genome analyses until plausibility tests of sequence analyses by an n-Tuple Test (Triple Test, Quadruple Test, ...) and legal applications; in addition, arbitrary and specific changes of genomes can be supervised and classified with regards to their extent and the expected phylogenetic results using only mathematical methods without any assumptions, as for example probabilities.

On the following pages, an introduction into the Quadruple Procedure, the Bivalvia in comparison with several Gastropoda, Annelida, Brachiopoda, Phoronida, Bryozoa, and Crustacea, the sums of the minima of equal base pairs triples' frequencies in comparison of different species, the relations of Bivalvia, Pteriomorphia, Veneroida, and Unionoida using the Quadruple Procedure, joining of genomes' parts, a comparison of the Triple/ Quadruple Procedure with sequence alignment, and the morphologic relations of rudists and brachiopods are presented. In an annex, the used programs GENOM4, INVERS, and ROTATION, a statistical consideration, the investigation of 8 Bacteria and 8 Archaea using the Quadruple Procedure, and additional remarks can be found.

The cited literature is not only given as documentation of used contents but also as a help for answers to further questions.

The book represents the authors' 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. We would appreciate discussions, remarks, and hints if there are mistakes.

Leimen, in November 2016

Uwe Kraeft & Michael Kraeft

<b>Inhalt</b>	<b>Seite</b>
32. Einführung in das Quadrupelverfahren - - - -	469
33. Bivalvia im Vergleich mit einigen Gastropoda, Annelida, Brachiopoda, Phoronida, Bryozoa und Crustacea - -	479
34. Summen der Minima der Häufigkeiten von gleichen Basenpaar- tripeln im Vergleich verschiedener Arten - - -	491
35. Bivalvia - - - - -	499
36. Pteriomorphia - - - - -	513
37. Veneroida - - - - -	533
38. Unionoida - - - - -	541
39. Zusammenfügung von Genomteilen - - - -	547
40. Vergleich des Tripel-/ Quadrupelverfahrens mit dem Sequenzalignment - - - - -	559
41. Morphologische Beziehungen der Rudisten und Brachiopoden	563
42. Anhang - - - - -	581
Anhang 1: Die Programme GENOM4, INVERS und ROTATION	581
Anhang 2: Statistische Betrachtung - - - - -	597
Anhang 3: Bacteria und Archaea - - - - -	599
Anhang 4: Errata und weitere Anmerkungen - - - -	605