Beiträge zur Bioinformatik

Band 2

Uwe Kraeft

Beiträge zur Bioinformatik

Band 2

Uwe Kraeft

2019

Titelbild: *oben links: Natica monodi* MARCHE-MARCHAD, 1957*, St. Louis, Senegal;*
unten links: Hexaplex trunculus (L., 1758)*, Sant'Antioco, Sardinien;*
oben Mitte: Requienia fellati PAQU.*, Orgon/Bouches-du-Rhône/Frankreich,*
ob. Urgon/Aptium/Unt. Kreide;
unten Mitte: Ilymatogyra arietina (ROEMER)*, Bell Co./Texas/USA, Cenomanium/Ob. Kreide;*
oben rechts: Pseudochama retroversa (=retrovenosa) (LISCHKE, 1870)*, Japan;*
unten rechts: Gryphaea arcuata LAMARCK*, 1801, Balingen, Lias α3 (Arietenkalk).*

Die schneckenähnliche Form und das „Operculum" der abgebildeten Arten sind nach heutiger Auffassung Analogien zwischen Muscheln und Schnecken und damit ein Hinweis auf die Notwendigkeit der Verwendung von mehreren charakteristischen Eigenschaften für die Taxonomie und phylogenetische Einordnung der Arten.

Berichte aus der Medizinischen Informatik und Bioinformatik

Uwe Kraeft

Beiträge zur Bioinformatik

Band 2

Shaker Verlag
Düren 2019

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 2019
Alle Rechte, auch das des auszugsweisen Nachdruckes, der auszugsweisen oder vollständigen Wiedergabe, der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen und der Übersetzung, vorbehalten.

Printed in Germany.

ISBN 978-3-8440-6930-3
ISSN 1432-4385

Shaker Verlag GmbH • Am Langen Graben 15a • 52353 Düren
Telefon: 02421 / 99 0 11 - 0 • Telefax: 02421 / 99 0 11 - 9
Internet: www.shaker.de • E-Mail: info@shaker.de

Vorwort

Dieses Buch ist der zweite Band der “Beiträge zur Bioinformatik“ [KB1] (siehe Seite 154). Hier werden wieder verschiedene Themen der Bioinformatik in zwangloser Reihenfolge behandelt.

In dem Text werden vollständige mitochondriale Genome von etwa 90 ausgewählten Strepsirrhini (Primates), die Haplorrhini (Primates) im Vergleich mit den Strepsirrhini, circa 80 mitochondriale Genome der Echinodermata sowie rund 240 mitochondriale Genome der Gastropoda aus den Datenbanken des National Center for Biotechnology Information NCBI mit der Quadrupelmethode und verschiedenen Auswertungsverfahren untersucht sowie verglichen. Dafür wurden die Genome unterschiedlicher Arten mehr oder weniger willkürlich ausgewählt.

Weitere Themen sind die Wahrscheinlichkeit der Aussagen von Biomarkern, die Gene S100P (Chromosom 4) und ERBB2 (Chromosom 17, 5) der Hominiden sowie die Beziehungen von Häufigkeitsabweichungen der Quadrupel und dem geologischen Alter.

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 unbekannten 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 Verbesserungs-vorschläge dankbar.

Leimen, 1. August 2019 Uwe Kraeft

Preface

This book is the second volume of “Beiträge zur Bioinformatik” (contributions to bioinformatics) [KB1] (see page 154). Here are different topics of bioinformatics discussed in arbitrary sequence.

In this text, complete mitochondrial genomes of about 90 chosen Strepsirrhini (Primates), Haplorrhini (Primates) in comparison with Strepsirrhini, circa 80 mitochondrial genomes of Echinodermata, and nearly 240 mitochondrial genomes of Gastropoda from the data banks of the National Center for Biotechnology Information NCBI are investigated and compared by the Quadruple Method and different analyze procedures. For this purpose, the genomes of different species have been chosen more or less arbitrarily.

Other subjects are the probability of biomarkers’ statements, the genes S100P (chromosome 4) and ERBB2 (chromosome 17, 5) of Hominidae, and the interrelations between quadruples’ frequency deviations and geological age.

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.

Leimen, August 1, 2019 Uwe Kraeft

Inhalt Seite

1. Wahrscheinlichkeit der Aussagen von Biomarkern - - 1
   1.1 Eine Messgröße mit verschiedenen Zuständen - - 1
   1.2 Mehrere Messgrößen mit verschiedenen Zuständen - 4

2. Die Gene S100P (Chr. 4) und ERBB2 (Chr. 17, 5) der Hominiden 7

3. Die mitochondrialen Genome der Primates, Strepsirrhini - 15
   3.1 Hominidae, Daubentonia, Lemuridae und Trichosurus 17
   3.2 Cheirogaleidae - - - - - - - 21
   3.3 Lepilemuridae - - - - - - - 29
   3.4 Indriidae und Lorisiformes - - - - - 39

4. Haplorrhini und Strepsirrhini im Vergleich - - - - 43
   4.1 Haplorrhini - - - - - - - - 45
   4.2 Strepsirrhini - - - - - - - - 49
   4.3 Haplorrhini/ Strepsirrhini - - - - - - 53

5. Die mitochondrialen Genome der Echinodermata - - 57
   5.1 Echinoidea - - - - - - - - 59
   5.2 Holothuroidea - - - - - - - 67
   5.3 Crinoidea und Asteroidea - - - - - 71
   5.4 Ophiuroidea - - - - - - - - 75

6. Die mitochondrialen Genome der Gastropoda - - - 79
   6.1 Vetigastropoda und Sorbeoconcha - - - - 81
   6.2 Architaenioglossa - - - - - - - 89
   6.3 Littorinimorpha - - - - - - - 93
   6.4 Buccinoidea - - - - - - - - 97
   6.5 Conoidea - - - - - - - - 105
   6.6 Muricoidea, Cancellarioidea u. andere Caenogastropoda 113
   6.7 Panpulmonata - - - - - - - 117
   6.8 Euopisthobranchia und Nudipleura - - - - 137

7. Häufigkeitsabweichungen und geologisches Alter - - 141

Literaturauswahl - - - - - - - - - 153