Beiträge zur Bioinformatik

Band 3

Uwe Kraeft

Beiträge zur Bioinformatik

Band 3

Uwe Kraeft

2020

Titelbild: *Echinosphaerites aurantium* (GYLLENHAAL, 1772),
Böda/Öland/Schweden, Llanvirn/ Ordovizium
siehe auch: Fossiilid.info: Echinosphaerites aurantium *fossiilid.info/4416*

Bereits Linné kannte den Fundort*).

Das von Carl von Linné (1707 - 1778) vor mehr als 200 Jahren in Abstraktion der Individuen eingeführte natürliche taxonomische System wurde vor allem für die Tiere ab der 10. Auflage von 1758 übernommen.

Rund 100 Jahre nach dem Tod von Linné begründete Georg Ferdinand Ludwig Philipp Cantor (1845 - 1918) ab etwa 1874 die Theorie der mathematischen Mengenlehre.

*)Carl Linnaeus, Öländska och Gothländska Resa på Riksens Högloflige Ständers befallning förrättad Åhr 1741, (1745), Gottfried Kiesewetter, Stockholm und Upsala.

Berichte aus der Medizinischen Informatik und Bioinformatik

Uwe Kraeft

Beiträge zur Bioinformatik Band 3

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 978-3-8440-7100-9
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

Mit dem Erscheinen dieses Buchs wird der dritte Band der „Beiträge zur Bioinformatik“ [KB1 bis 2] (siehe Seite 143) vorgelegt. Hier werden wieder verschiedene Themen der Bioinformatik in zwangloser Reihenfolge behandelt.

In dem Text werden vollständige mitochondriale Genome ausgewählter Gastropoda, Echinodermata und Primates aus den Datenbanken des National Center for Biotechnology Information NCBI nach der Quadrupelmethode und verschiedenen Auswertungsverfahren untersucht sowie miteinander verglichen. Während in den vorhergehenden Bänden die Taxonomie im Vordergrund steht, werden hier phylogenetische Zusammenhänge ermittelt. Dafür werden jeweils 16 Arten ausgewählter Taxa nach mehr oder weniger willkürlichen Gruppierungen in Spalten nebeneinander gestellt, in denen die Folgen der Vergleichsarten nach steigenden Größen der Summen der Quadrupelabweichungen geordnet stehen. Die Spalten sind damit individuelle Stammbäume jeweils einer Art, eine beispielsweise lineare Abhängigkeit der Quadrupelabweichungen von den einzelnen Evolutionszeiten vorausgesetzt. Deren Kombination in einem Evolutionsbaum ist erst unter besonderen Bedingungen, zum Beispiel Mittelwertbildungen, möglich.

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 Verbesserungsvorschläge dankbar.

Leimen, Oktober 2019 Uwe Kraeft

Preface

With this book, the third volume of the “Beiträge zur Bioinformatik“ is published [KB1 until 2] (see page 143). Again, different topics of bioinformatics are discussed here in arbitrary sequence.

In this text, complete mitochondrial genomes of chosen Gastropoda, Echinodermata, and Primates from the data banks of the National Center for Biotechnology Information NCBI are investigated and compared by the Quadruple Method and different analyze procedures. While in the preceding volumes the taxonomy is the main topic, here phylogenetic connections are checked. For this purpose, 16 species of chosen taxa are composed in more or less arbitrary groupings in columns side by side, in which the sequences of the compared species ordered with rising sums of the quadruples’ deviations are standing. The columns are by this individual family trees of each species, for example a linear dependence of the quadruples’ deviations from the evolution times provided. Their combination in an evolution tree is only under specific circumstances, as e. g. means, possible.

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, October, 2019 Uwe Kraeft

Inhalt Seite

1. Terminologie - - - - - - - - 1
2. Interpretation der mitochondrialen Quadrupelabweichungen einiger Panpulmonata (Gastropoda) - - - 9
3. Interpretation der mitochondrialen Quadrupelabweichungen einiger Gastropoda - - - - - - 17
3.1 Vetigastropoda - - - - - - - 17
3.2 Architaenioglossa - - - - - - - 21
3.3 Littorinimorpha - - - - - - - 25
3.4 Buccinoidea - - - - - - - - 29
3.5 Conoidea - - - - - - - - 33
3.6 Planorbidae, Helicidae, Achatinidae und Geomitridae 37
3.7 Bradybaenidae, Succineidae, Orthalicidae, Urocoptidae, Cerionidae und Onchidiidae - - - - - 41
3.8 Euopisthobranchia und Nudipleura - - - - 45
4. Interpretation der mitochondrialen Quadrupelabweichungen einiger Echinodermata - - - - - 49
4.1 Echinoidea - - - - - - - - 49
4.2 Holothuroidea - - - - - - - 53
4.3 Crinoidea und Asteroidea - - - - - 57
4.4 Ophiuroidea - - - - - - - - 61
5. Interpretation der mitochondrialen Quadrupelabweichungen einiger Haplorrhini (Primates) - - - - 65
5.1 Hominidae und Hylobatidae (Catarrhini) - - - 65
5.2 Hominidae und Colobinae (Catarrhini) - - - 69
5.3 Hominidae und Cercopithecinae 1 (Catarrhini) - - 73
5.4 Hominidae und Cercopithecinae 2 (Catarrhini) - - 77
5.5 Hominidae und *Macaca* (Catarrhini) - - - - 81
5.6 Hominidae und Cebidae (Platyrrhini) - - - 85
5.7 Hominidae und Platyrrhini allgemein - - - 89
6. Interpretation der mitochondrialen Quadrupelabweichungen einiger Strepsirrhini (Primates) - - - - 93
6.1 Hominidae, Daubentonia, Lemuridae und Trichosurus 93
6.2 Cheirogaleidae - - - - - - - 97
6.3 Lepilemuridae - - - - - - - 101
6.4 Indriidae und Lorisiformes - - - - - 105
7. Haplorrhini und Strepsirrhini (Primates) im Vergleich - - 109
7.1 Haplorrhini - - - - - - - - 109
7.2 Strepsirrhini - - - - - - - - 113
7.3 Haplorrhini/ Strepsirrhini - - - - - - 117
8. Stammbaum, Stammbusch oder „Stammdschungel“? - 133

Literaturauswahl - - - - - - - - - 143