

Phylogenetik

von Andreas Pfeil

Phylogenetik beschäftigt sich mit der Analyse und dem Vergleich von Genen, um deren Verwandtschaft zu bestimmen.

Ergebnis einer solchen Untersuchung ist ein phylogenetischer Baum, in dem (hoffentlich) der Abstand zweier Arten mit dem Verwandtschaftsgrad übereinstimmt.

Hierbei zeigen sich hauptsächlich 3 Probleme:

1. falsche Sequenzalignments:
Da das Alignieren u. U. ein recht ungenauer Prozeß ist, kann es immer zu Fehlern kommen.
2. Unterschiedliche Mutationshäufigkeiten auf einer Site
d. h., auf dem untersuchten Gen verändern sich einige Abschnitte schneller als andere
3. unterschiedliche Mutationshäufigkeiten in den verschiedenen Spezies
da man recht unterschiedliche Arten vergleicht, ist auch die Geschwindigkeit, mit der sich das Genom verändert unterschiedlich (z. B. auf Grund unterschiedlicher Generationslängen)

Diese 3 Probleme führen leicht zur **long branch attraction**, bei der die Sequenzabschnitte nach Entwicklungsgeschwindigkeit oder Länge aligniert werden und nicht nach dem eigentlichen Verwandtschaftsgrad.

Um falsche Ergebnisse zu vermeiden muß also jeder Baum, der erzeugt wird, mit anderen Ergebnissen abgeglichen werden.