

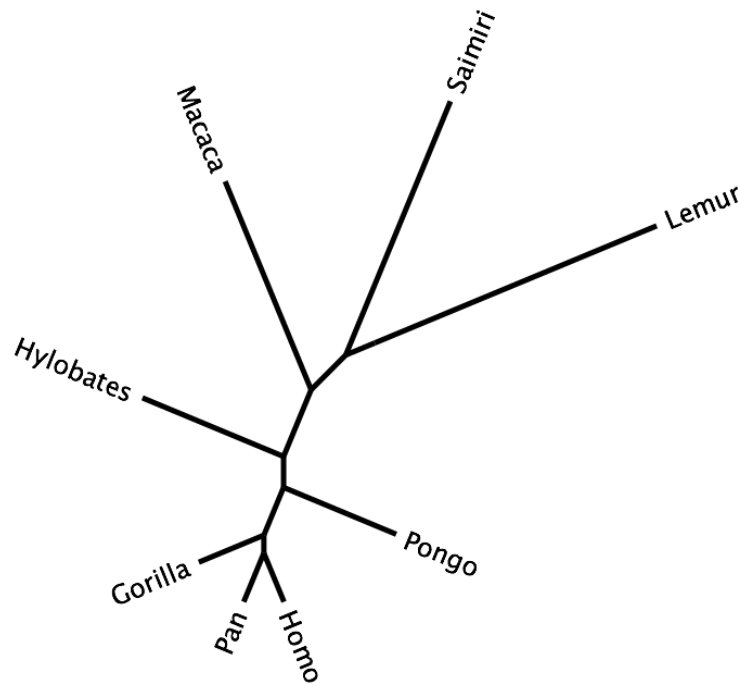
Ihre Namen: _____

Übung 6: Phylogenetik I: Übungsaufgaben

Die heutige Übung dient dazu, phylogenetische Bäume für Sie verständlicher zu machen und Sie mit der Logik von phylogenetischen Analysen vertraut zu machen.

Teil 1: Wie man phylogenetische Bäume liest

1) In dieser Übung geht es um ungewurzelte und gewurzelte Bäume. Betrachten Sie die untere Abbildung. Sie zeigt eine ungewurzelte (unrooted) Phylogenie für die Affen.



1.1 Wurzeln Sie den Baum. Nehmen Sie den Lemur als Aussengruppe:

1.2 Zuerst wollen wir wissen wie wir eine Phylogenie in das Newick format umwandeln können. Schreiben Sie für die Phylogenie das Newick Format auf.

1.3 Nun wollen wir den umgekehrten Weg gehen und eine Phylogenie zeichnen. Der Baum im Newick format ist:

```
((Echinops,(Dasypus,((Tupaia,((Tarsius,Gorilla),((Mus,Dipodomys),Ochotona))),  
(Sorex,(Pteropus,(Felis,Bos)))))),Monodelphis),Ornithorhynchus);
```

Zeichnen Sie den Baum.

1.4 Überlegen Sie sich zunächst wieviele ungewurzelte Bäume Sie aus drei bzw. vier Taxa erstellen können. Skizzieren Sie alle möglichen Bäume.

a) ungewurzelte Bäume mit drei Taxa

b) ungewurzelte Bäume mit vier Taxa

c) gewurzelte Bäume mit drei Taxa

d) gewurzelte Bäume mit vier Taxa

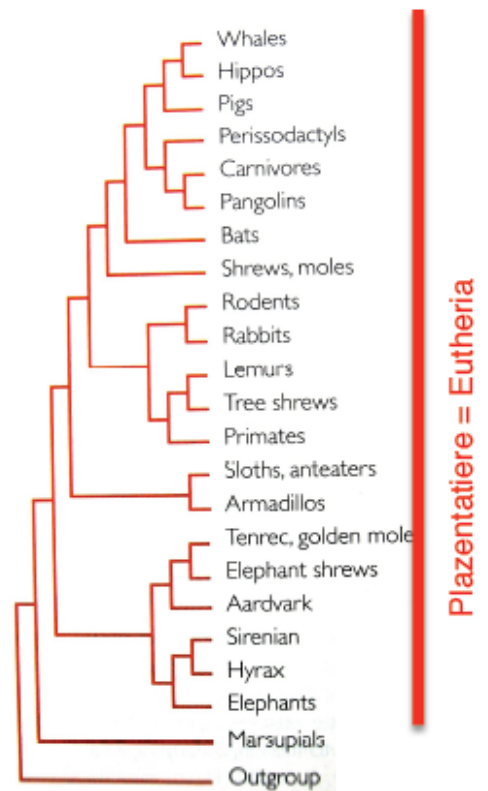
2) Betrachten Sie die Abbildung rechts. Unter den Säugetieren mit hochkronigen Zähnen, welche gut geeignet sind zum Grasens, befinden sich einige Nagetiere (*rodents*), Kaninchen und Hasen (*rabbits*), die meisten Paarhufer (*pigs, hippos, whales*), Pferde (*perissodactyls*) und Elefanten (*elephants*).

2.1 Markieren Sie auf dem Baum die Gruppen welche über hochkronige Zähne verfügen.

2.2 Welche Hypothese ist parsimonischer?

a) hochkronige Zähne sind eine Synapomorphie der Plazentatiere (d. h. der letzte gemeinsame Vorfahre der Eutheria hatte hochkronige Zähne) und wurden innerhalb der Gruppe mehrmals abgeschafft oder
b) hochkronige Zähne sind mehrmals durch konvergente Evolution entstanden

Begründen Sie Ihre Antwort unter Berücksichtigung Ihrer Rekonstruktion dieses Merkmals auf dem Baum.



Teil 2: Phylogenetische Analyse - Distanz-Methoden

2) Gegeben sei die folgende Merkmalsmatrix von vier Tierarten. Dabei finden die folgenden 11 Merkmale Anwendung (jeweils: 1: ja/vorhanden; 0: nein/nicht vorhanden):

- | | | |
|----------------------------|--|----------------|
| 1. Endoskelett aus Knochen | 6. Aktive Bewegung | 11. Filtrierer |
| 2. Chorda dorsalis | 7. Innere Befruchtung | |
| 3. Echter Darm | 8. Amniotisches Ei | |
| 4. Triploblastisch | 9. Brustdrüsen | |
| 5. Deuterostomier | 10. Gebrauch von Armen und Beinen zum Klettern | |

Merkmal	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Wels	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1
Schimpanse	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
Seestern	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	0
Schwamm	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

2.1 Verwenden Sie die UPGMA-Methode, um, basierend auf den ersten neun Merkmalen, einen Ähnlichkeitsbaum für diese vier Arten zu erstellen. Hinweis: Konvertieren Sie die Datenmatrix in die unten angegebene Matrix. Füllen Sie die leeren Felder mit der Anzahl von Merkmalen aus, die das betreffende Artenpaar gemeinsam hat.

Taxa	Wels	Schimpanse	Seestern	Schwamm
Wels		6		
Schimpanse				
Seestern				
Schwamm				

Identifizieren Sie nun das Taxonpaar mit der höchsten Ähnlichkeit. Dieses bildet nun die erste Gruppe im Baum - beginnen Sie damit Ihren Baum zu zeichnen. Erneuern Sie die Ähnlichkeitsmatrix mit dieser Gruppe.

Taxa			

Welches Taxonpaar hat nun die höchste Ähnlichkeit? Platzieren Sie diese Gruppe auf dem Baum. Nun befindet sich nur noch eine Art nicht auf dem Baum. Platzieren Sie diese so auf dem Baum, dass die ersten drei Arten einen jüngeren gemeinsamen Vorfahren besitzen.

Baum:

2.2 Betrachten Sie nun die Evolution der Merkmale 10 und 11. Markieren Sie die Veränderung in diesem Merkmal im obigen Baum.

2.3 Warum werden die Merkmale 10 und 11 als homoplastisch angesehen? (Homoplasie: Phänomene, die zu Ähnlichkeiten in Merkmalszuständen führen, aus Gründen, die nicht auf Vererbung von einem gemeinsamen Vorfahren zurückzuführen sind. Beispiele: Konvergenz, Merkmalsumkehrung, Parallelismus)

3 Gegeben sind nun die folgenden DNA-Sequenzen von fünf Arten sowie die einer Außengruppe.

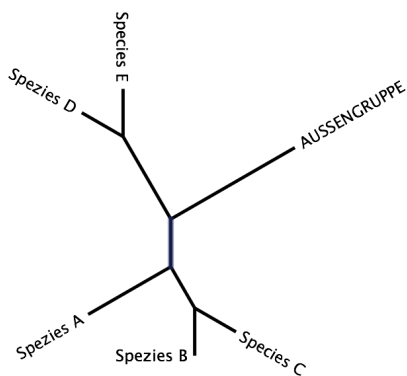
DNA-Position	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
Spezies A	A	C	C	C	T	T	T	A	G	A	A	T	C	C	C	A	T	A
Spezies B	A	T	C	C	T	T	T	G	A	A	A	T	T	C	C	C	T	G
Spezies C	A	C	C	C	T	T	T	A	A	G	A	T	T	C	C	A	T	G
Spezies D	A	C	C	T	T	C	G	A	G	A	G	T	C	C	T	A	T	G
Spezies E	A	C	C	T	C	C	G	A	G	A	A	T	C	C	T	A	T	G
AUSSENGRUPPE	A	C	T	C	T	T	T	A	G	A	A	T	T	C	C	A	G	G

Betrachten Sie zunächst nur die DNA-Sequenzen der fünf Arten.

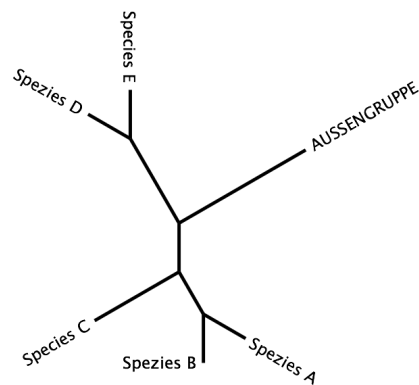
3.1 Markieren Sie alle parsimonisch informativen Positionen.

3.2 Berechnen Sie nun für diese sechs DNA-Sequenzen die Parsimonie-Score und tragen Sie alle Nukleotidveränderungen (auch die parsimonisch uninformativen) in die drei Bäume. Welcher Baum ist der "beste"?

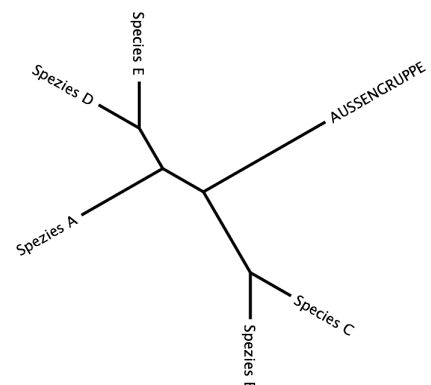
A)



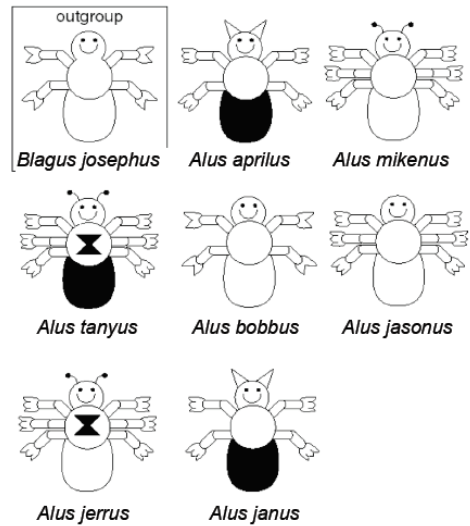
B)



C)



4) Es soll eine morphologische phylogenetische Analyse der Gattung *Alus* gemacht werden. Hierfür wird die Gattung *Blagus* als Außengruppe verwendet. Die Monophylie von *Alus* wird als gesichert vorausgesetzt und es wird angenommen, dass die Merkmalszustände, die bei *Blagus* gefunden werden, die ursprünglichen sind.



4.1 Definieren Sie zunächst die Merkmale für die Analyse. Zur Hilfestellung sind bereits eine Tabelle und das erste Merkmal vorgegeben. Schreiben Sie die Beschreibung der restlichen 6 Merkmale in die zweite Spalte. In die dritte und vierte Spalte kommen die Merkmalszustände, wobei der Zustand, der bei *Blagus* vorkommt, als 0 kodiert wird. Hinweis: Hörner und Antennen sollten als zwei separate Merkmale kodiert werden.

	Name des Merkmals	Merkmalszustand wie <i>Blagus</i>	anderer Merkmalszustand
Merkmal 1	Hörner	0 = fehlend	1 = vorhanden
Merkmal 2			
Merkmal 3			
Merkmal 4			
Merkmal 5			
Merkmal 6			
Merkmal 7			

4.2 Füllen Sie nun die folgende Merkmalsmatrix, indem Sie in jede Zelle entweder eine 0 oder eine 1 eintragen, entsprechend der eben festgelegten Kodierung.

	1	2	3	4	5	6	7
<i>Blagus josephus</i>	0						
<i>Alus bobbus</i>	0						
<i>Alus janus</i>	1						
<i>Alus aprilus</i>	1						
<i>Alus jasonus</i>	0						
<i>Alus mikenus</i>	0						
<i>Alus jerrus</i>	0						
<i>Alus tanyus</i>	0						

4.3 Erstellen Sie daraus eine Phylogenie dieser Tiere mit Blagus als Außengruppe. Zeichnen Sie in den Baum die Merkmalstransformationen ein.

4.4 Gibt es Homoplasie in diesem Datensatz? Homoplasie bedeutet für einen gegebenen Baum, dass ein Merkmal in diesem Baum mehr Zustandstransformationen durchläuft als das theoretische Minimum. (Bei 2 Zuständen ist die minimale Anzahl der Änderungen 1, bei 3 Zuständen 2 und so weiter.)

4.5 Wie lang ist Ihre Phylogenie; in anderen Worten: welchen Betrag hat die Baumlänge?