

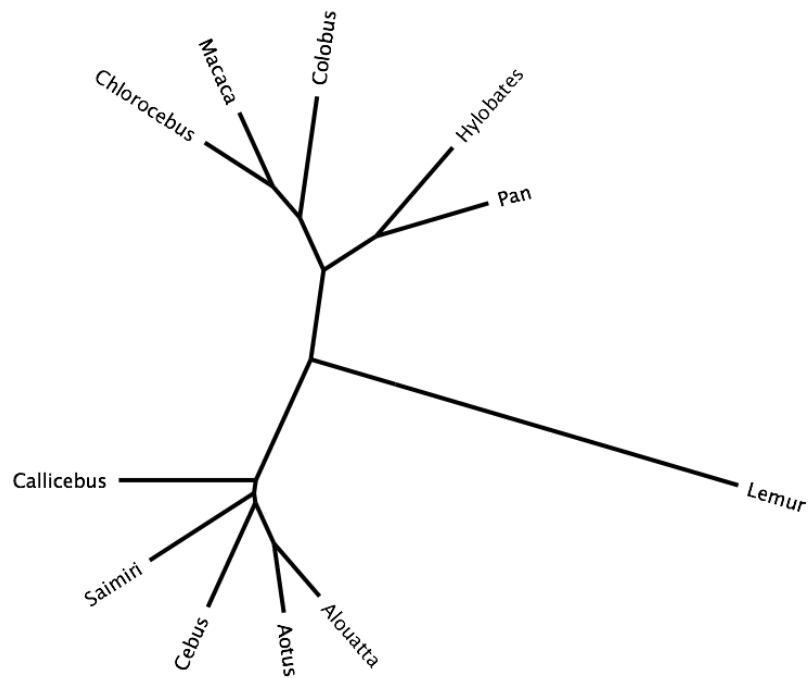
Ihre Namen: \_\_\_\_\_

## Übung C: 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

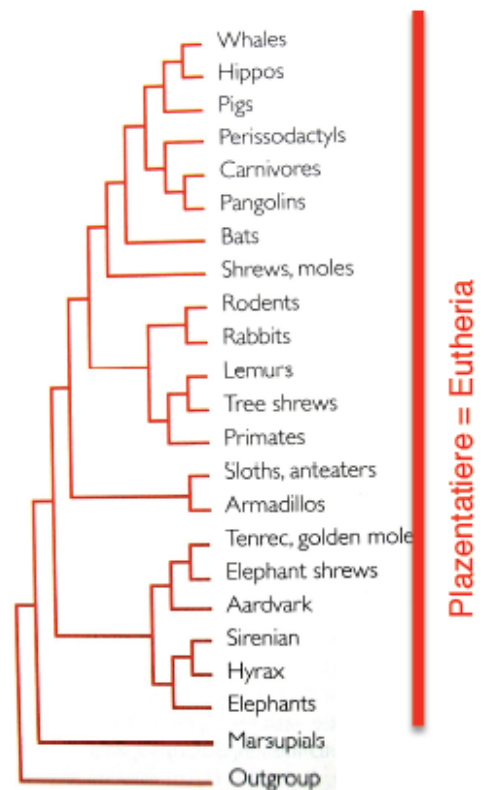
2) Betrachten Sie die Abbildung rechts. Unter den Säugetieren mit hochkronigen Zähnen, welche gut geeignet sind zum Grasens, befinden sich einige Nagetiere (*rodents*), Kaninchen und Hasen (*rabbits*), die meisten Paarhufer (*pigs, hippos, whales*), Pferde (*perissodactyls*) und Elefanten (*elephants*).

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 acht Bärenarten. Als Merkmale haben wir verschiedene Zahn und Gebissstrukturen ausgewählt.

<b>Merkmal</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>11</b>	<b>12</b>	<b>13</b>	<b>14</b>	<b>15</b>	<b>16</b>	<b>17</b>
<b>Panda</b>	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<b>Brillenbär</b>	1	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0
<b>Braunbär</b>	0	2	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1
<b>Eisbär</b>	0	2	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	1	1
<b>Schwarzbär</b>	0	2	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	1
<b>Lippenbär</b>	0	2	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0
<b>Kragenbär</b>	0	2	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1
<b>Malaienbär</b>	0	2	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1

2.1 Markieren Sie alle nicht-parsimonisch informativen Positionen.

2.2 Verwenden Sie die UPGMA-Methode, um, basierend auf den allen Merkmalen, einen phylogenetischen Baum für diese vier Arten zu erstellen. Hinweis: Konvertieren Sie die Datenmatrix in die unten angegebene *Distanzmatrix*. Füllen Sie die leeren Felder mit der Anzahl von Merkmalen aus, die bei dem betreffenden Artenpaar unterschiedlich sind.

<b>Taxa</b>	Panda	Brillenbär	Braunbär	Eisbär	Schwarzbär	Lippenbär	Kragenbär	Malaienbär
Panda		7						
Brillenbär								
Braunbär								
Eisbär								
Schwarzbär								
Lippenbär								
Kragenbär								
Malaienbär								

Identifizieren Sie nun das Taxonpaar mit der niedrigsten Unterschiedlichkeit. Dieses bildet nun die erste Gruppe im Baum - beginnen Sie damit Ihren Baum zu zeichnen. Erneuern Sie die Distanzmatrix mit dieser Gruppe. Wiederholen Sie diese Schritte bis Sie den vollständigen Baum haben.

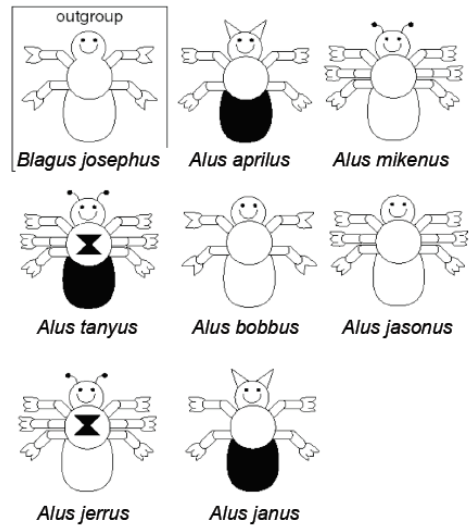
<b>Taxa</b>								


Welches Taxonpaar hat nun die niedrigste Unterschiedlichkeit? Platzieren Sie diese Gruppe auf dem Baum. Führen Sie das Verfahren fort bis Sie fort bis der Baum fertig erstellt ist.

<b>Taxa</b>						

<b>Taxa</b>					

<b>Taxa</b>				




<b>Taxa</b>			

Baum:

2.3 Betrachten Sie nun die Evolution der Merkmale 10 und 12. Markieren Sie die Veränderung in diesem Merkmal im obigen Baum.

2.3 Warum werden die Merkmale 10 und 12 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) 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.

3.1 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.

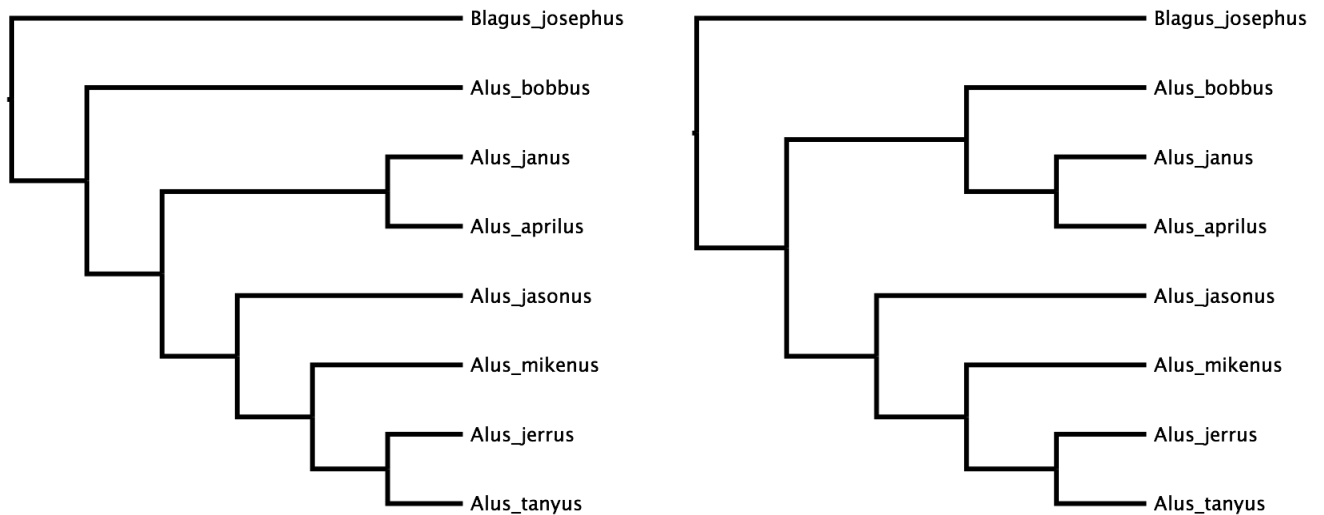
	Name des Merkmals	Merkmalszustand wie <i>Blagus</i>	anderer Merkmalszustand
Merkmal 1	Hörner	0 = fehlend	1 = vorhanden
Merkmal 2			
Merkmal 3			
Merkmal 4			
Merkmal 5			
Merkmal 6			
Merkmal 7			

3.2 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						
--------------------	---	--	--	--	--	--	--

3.3 Berechnen Sie nun für die Parsimonie-Score und tragen Sie alle Merkmalstransformationen (auch die parsimonisch uninformativen) in die zwei Bäume. Welcher Baum ist der "beste"?



3.4 Wie lang ist die kürzeste Phylogenie; in anderen Worten: welchen Betrag hat die Baumlänge?

3.5 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.)