

Inhaltsverzeichnis

1 Die molekularen Grundlagen des Lebens	1
1.1 Erbinformation: Nukleotide und DNA	2
1.2 Der genetische Code	9
1.3 Die Proteinbiosynthese	11
1.4 Chromosomen und Chromatin – Gene, Genome und Genetik	17
1.5 Endosymbiontengenome in Mitochondrien, Chloroplasten und ...?	21
1.6 Molekulare Besonderheiten	26
1.7 Die Werkzeugkiste der Gentechnologie	32
1.8 Leseempfehlungen	43
2 Evolution, Taxonomie, Kladistik und Phylogenetik	45
2.1 Evolution	46
2.2 Taxonomie	51
2.3 Kladistik und Phylogenetik	56
2.4 Molekulare Phylogenetik	68
2.5 Leseempfehlungen	72
3 Datenbanken, Alignments, Software	73
3.1 Die Datenbanken für molekulare Sequenzdaten	74
3.2 Alignments	85
3.3 Integrierte Programmpakete für die molekulare Phylogenetik	98
3.4 Speziellere Anwendungen in phylogenetischen Analysen	104
3.5 Graphische Darstellung von Bäumen	109
3.6 Attraktive Darstellung von Alignments	110
3.7 Leseempfehlungen	111
4 Stammbäume rekonstruieren: das Allerwichtigste in einem Kapitel	113
4.1 Phylogenetische Methoden in der Übersicht	114
4.2 Erste Stammbäume mit MEGA und PAUP*	116
4.3 Beuteltiere auf die Bäume: MEGA	117
4.4 Arbeiten mit PAUP* unter Windows	128
4.5 Die Zusammenfassung: Von den Daten zum Stammbaum	137
4.6 Leseempfehlungen	139
5 Parsimonieanalyse	141
5.1 Das Parsimonieprinzip	142
5.2 Gar nicht sparsam: Mehr über Parsimonie	150
5.3 Auf Baumsuche	159
5.4 Die Messung von Homoplasie	167
5.5 Oft übergangen: Lücken im Alignment	170
5.6 Leseempfehlungen	172

6 Distanzverfahren	173
6.1 Unterschiede zwischen DNA-Sequenzen: Schein und Sein	174
6.2 Distanzkorrektur: Messen von genetischen Distanzen	176
6.3 Bäume aus Distanzen I: Suchverfahren	192
6.4 Bäume aus Distanzen II: <i>Clustering</i> -Methoden	196
6.5 Geringe Distanz zur Praxis: Distanzen in PAUP*	198
6.6 Leseempfehlungen	201
7 Maximum Likelihood	203
7.1 Bedingte Wahrscheinlichkeit	204
7.2 Berechnung der Wahrscheinlichkeit für einen gegebenen Baum	206
7.3 Buchen sollst Du suchen: Welcher ist der beste Baum?	217
7.4 ML und <i>Batch Files</i> in PAUP*	218
7.5 Alternative Suchverfahren und weitere Software	222
7.6 Leseempfehlungen	226
8 Bayesianische Statistik	227
8.1 Frisch ans Werk – die Verwendung von MrBayes	228
8.2 Bayesianische Statistik – die Hintergründe	234
8.3 <i>Markov Chain Monte Carlo</i>	236
8.4 Leseempfehlungen	243
9 Raten und Zeiten	245
9.1 Die molekulare Uhr	246
9.2 Das A und O: Die Kalibrierung	250
9.3 Phylogramme zu Chronogrammen: r8s	252
9.4 <i>Relaxed Phylogenetics</i> und BEAST	256
9.5 Absolute Substitutionsraten und Diversifikationsraten	272
9.6 Fossile DNA, <i>ancient DNA</i>	273
9.7 Leseempfehlungen	275
10 Testen und Vergleichen: Modelle, Bäume und Methoden	277
10.1 <i>Phylogenetics' next Topmodel</i> : Welches ist das beste Modell?	278
10.2 Evaluation von Stammbäumen	287
10.3 Typische Probleme, Stärken und Schwächen der Methoden	294
10.4 Leseempfehlungen	304
11 Viele Loci, viele Taxa, viele Bäume	305
11.1 Loci, Taxa und die Probleme	306
11.2 Mehr als ein Baum: Konsensus und Superbäume	314
11.3 Nicht immer nur Bäume, auch Netze	318
11.4 Leseempfehlungen	322
12 Molekulare Einsichten zu alten und neuen Kladen	323
12.1 Einsichten und offene (Streit)fragen	324

12.2 Genome in Bewegung	333
12.3 Gene, die wirklich Unterschiede machen: Hox, MADS etc.	340
12.4 Leseempfehlungen	343
Literatur	344
Glossar	357
Index	373

Gene und Stammbäume

Ein Handbuch zur molekularen Phylogenetik

Knoop, V.; Müller, K.

2009, XI, 386 S. 130 Abb., Softcover

ISBN: 978-3-8274-1983-5