

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 molekularen 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 |