

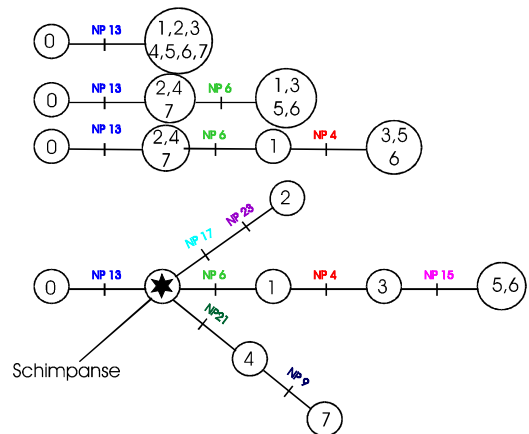
Die Rekonstruktion eines molekularen Stammbaums (phylogeography)

Im Folgenden soll die Rekonstruktion eines molekularen Stammbaums aus einem kurzen Gen-Abschnitt beschrieben werden. Es werden DNS-Stränge aus den sequenzierten Proben 0 bis 7 untereinander angeordnet. Die Nucleotidpositionen (NP) auf der DNS sind mit Nummern versehen. Wo die einzelnen gewonnenen Proben übereinstimmende Mutationen tragen, werden sie in Typen zusammengefasst.

Nucleotidposition Nr.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
Probe 0	A	C	C	G	A	C	C	T	T	G	A	C	T	A	G	C	T	C	C	T	A	G	G
Probe 1	-	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-	-	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Probe 2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	-	-	C	-	-	-	-	-	-	C
Probe 3	-	-	A	-	T	-	-	-	-	-	-	-	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Probe 4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	-	-	-	-	-	-	G	-	-	-
Probe 5	-	-	A	-	T	-	-	-	-	-	-	-	C	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-
Probe 6	-	-	A	-	T	-	-	-	-	-	-	-	C	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-
Probe 7	-	-	-	-	-	-	-	C	-	-	-	-	C	-	-	-	-	-	-	G	-	-	-

Die Buchstaben in den Reihen von Probe 0 bis 7 stellen Punktmutationen dar. Aus Gründen der Übersicht sind nur diejenigen Nucleotidpositionen markiert, die von der Probe 0 abweichen. Die übrigen identischen Basen sind durch Striche gekennzeichnet.

1. Schritt: Die Individuen werden Mutation für Mutation schrittweise voneinander unterschieden, wie rechts gezeigt. Es entsteht ein ungewurzelter Baum. (Meist ist die Lage aber komplizierter: Es können im Laufe der Evolution mehrfache Mutationen an derselben Nucleotidposition stattfinden; dann liefert die Rekonstruktion keinen einfachen Baum, sondern ein höherdimensionales Netzwerk.)



2. Schritt: Die Wurzelung (mit einem Stern markiert) des erhaltenen Stammbaums erfolgt durch das Hinzuziehen einer „outgroup“, die zum Beispiel aus einer Neandertaler- oder Primaten-Sequenz gewonnen wird.

3. Schritt: Nun wird die Altersabschätzung von DNS-Sequenztypen vorgenommen. Der Sequenztyp von Probe 4 beispielsweise hat einen Nachfahren (Probe 7), der eine Mutation (an NP 9) erfahren hat. Wenn eine Mutation durchschnittlich alle 10 000 Jahre vorkommt (Prinzip der molekularen Uhr), wäre Typ 4 also 5000 Jahre alt (Typ 4 hat 0 Mutationen, Typ 7 hat ein Mutation; im Schnitt also eine halbe Mutation). Diese Altersabschätzung von Typ 4 hat allerdings eine große Unsicherheit, da wir nur einen Nachfahren zur Abschätzung haben. Das Alter des ausgestorbenen Wurzeltyps ist genauer bestimmbar, da immerhin vier Äste zur Verfügung stehen. Der Wurzeltyp ist 15/8 Mutationen alt (3 mal 1 Mutation plus 3 mal 2 Mutationen plus 2 mal 3 Mutationen, geteilt durch 8 Nachfahren). Multipliziert mit 10 000 Jahren ergäbe sich für die Wurzel ein Alter von etwa 20 000 Jahren.