

# Andre modeller til beregning af grenlængder i stamtræer

Når man arbejder med software til tegning af stamtræer, nævnes flere modeller til beregning af grenlængder i stamtræer. I 'Regn med biologi' gennemgås Jukes-Cantor-modellen, men der findes andre modeller til at beregne det faktiske antal substitutioner, og Jukes-Cantor-modellen betragtes i nogen grad som primitiv. Eksempelvis forudsætter den at alle substitutioner er lige sandsynlige, og at frekvensen af alle baser er 0,25. Andre modeller der tager hensyn til at dette ikke altid er tilfældet, kan vælges i de softwareprogrammer der laver stamtræer ud fra sekvensdata, og de bliver kort gennemgået nedenfor. Alle metoder bygger på at sekvenserne er alignet.

'*p*-afstand' eller '*p*-distance' er et udtryk for antallet af forskelle delt med sekvenslængden svarende til den andel af en sekvens der er ændret. Der er altså ikke sket en modifikation af antallet af substitutioner.

Felsenstein 81-modellen (F81) bygger på Jukes-Cantor-metoden, men tager hensyn til at frekvensen af DNA-baserne A og T er forskellig fra frekvensen af C og G.

Kimura 2-parametermetoden tager hensyn til at der findes pyrimidiner (T og C), der er kendetegnet ved kun at have én ring i deres strukturelle opbygning og puriner der har to ringe i deres strukturelle opbygning (A og G). Udskiftning af en purin med en anden purin eller udskiftning af en pyrimidin med en anden pyrimidin kaldes en 'transition'. Skift fra purin til pyrimidin eller fra pyrimidin til purin kaldes en 'transversion'. Ifølge Jukes Cantor-modellen sker det lige hyppigt, og man vil derfor ifølge den model have dobbelt så mange transversioner som transitioner. Hvis vi tager udgangspunkt i purinen A, kan den skifte til C, G eller T, og to af de skift (til C og T) er transversioner, men kun én (til G) er en transition. Imidlertid er transitioner langt hyppigere end transversioner, og Kimura 2-parameter metoden tager højde for dette ved at regne med forskellige mutationsrater for transversioner og for transitioner.

Tamura-Nei-modellen, HKY-modellen og Felsenstein 84-modellen hører til samme familie som Kimura 2. De tager alle hensyn til at skift mellem C og T forekommer med en anden rate end skift mellem G og A.