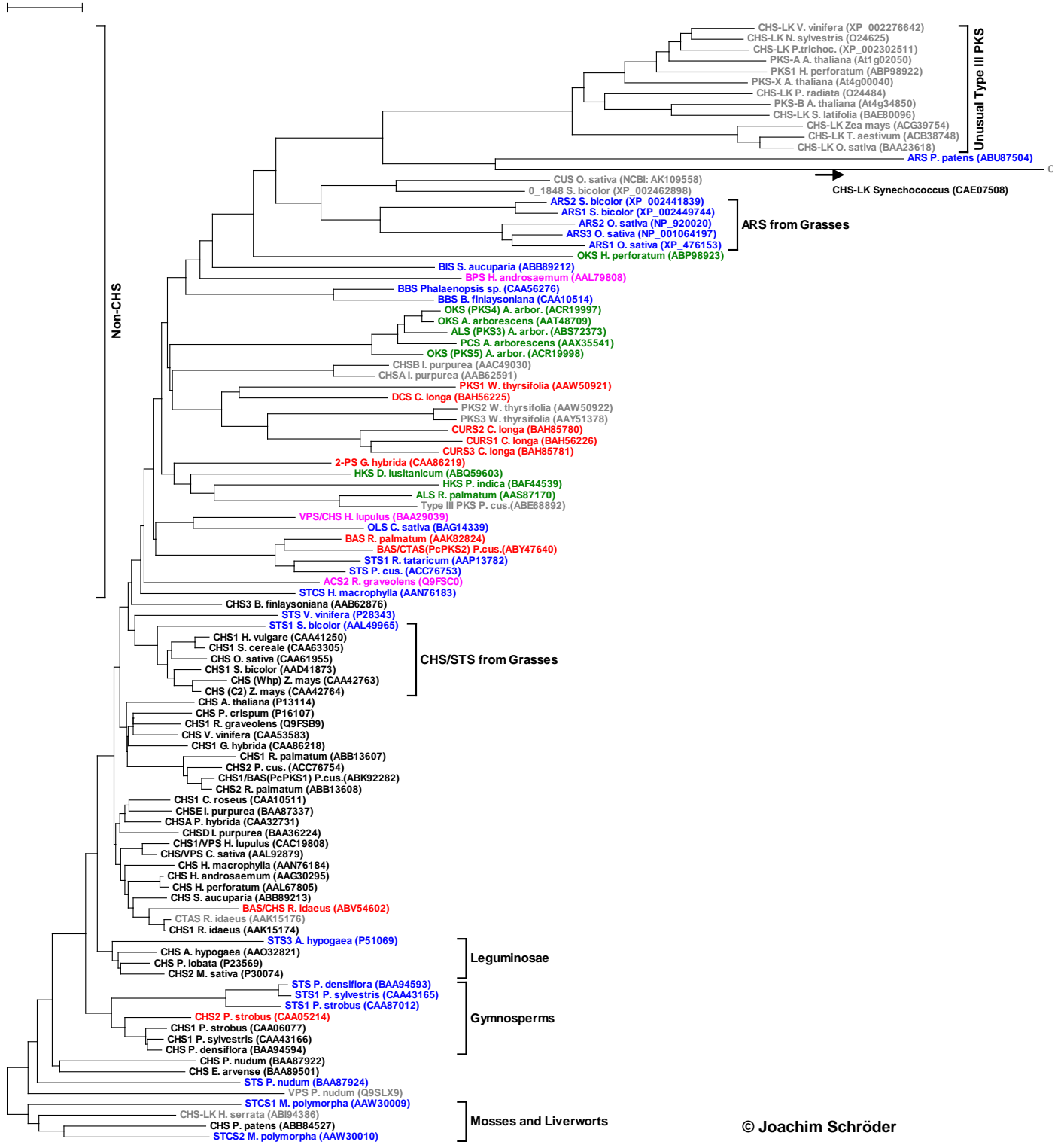


# Verwandtschaftsbaum ausgewählter Typ III PKS in Pflanzen



## Einige Anmerkungen

- **Color scheme**

**Red:** one or two condensations

**Blue:** three condensations, aldol condensation type cyclization to end product (e.g. STS)

**Black:** CHS, three condensations, Claisen condensation type cyclization to end product

**Violet:** other substrates as CHS, but three condensations, Claisen condensation type cyclization to end product

**Green:** more than three condensations

**Grey:** several definitions:

- *in vitro* function unknown or not found so far

- *in vitro* function known, but not physiological role (e.g. products unknown from that plant)

- **Hinweis**

Die Seite '[Links zu Sequenzen des Verwandtschaftsbaums](#)' enthält

- Erklärungen zu Namen und Sequenzen

- Links zu den Proteinsequenzen

- Links zu den Seiten, auf denen die Enzyme diskutiert werden

- **Der Baum enthält nicht alle Typ III PKS aus Pflanzen.**

Dies ist besonders für CHS relevant:

- Chalconsynthase (CHS) ist der Prototyp für diese Proteine, aus zwei Gründen:

- a) es war das erste identifizierte Mitglied der Proteinfamilie (*Petroselinum crispum*),

- b) das Enzym ist in allen Pflanzen vorhanden (ubiquitär),

- Trotzdem wurden CHSs nur dann verwendet wenn sie von speziellem Interesse sind, z.B.

- a) aus historischen Gründen (Erstbeschreibung),

- b) erste 3D-Struktur,

- c) wenn die Pflanzen auch nicht-CHS Typ III PKS enthalten,

- CHSs sind in vielen Pflanzen in Genfamilien kodiert, meist engverwandte Proteine mit CHS-Aktivitäten (wenn dies tatsächlich im Detail untersucht wurde). In solchen Fällen enthält der Baum nur eine repräsentative Sequenz, um zu vermeiden, dass er mit eng verwandten Proteinen überladen wird

- **Der Baum wurde mit dem Program "TREECON for Windows" entwickelt** " (Van de Peer and De Wachter, 1994), mit der eingebauten Matrix für Proteinsequenzen, und der "neighbour-joining method for distance calculations" (Saitou and Nei, 1987).

## Zitate

- Saitou, N., Nei, M., 1987. The neighbour-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular and Biological Evolution* 4, 406-425.
- Van de Peer, Y., De Wachter, R., 1994. TREECON for Windows: a software package for the construction and drawing of evolutionary trees for the Microsoft Windows environment. *Computational Applications in Biosciences* 10, 569-570.

---

## File History:

- 29.04.2010: New phylogenetic tree; change of color scheme, for easier overview
  - 14.04.2010: Einbau von ARS Sequenzen from *Sorghum bicolor* (*S. bicolor*) und Reis (*Oryza sativa*, *O. sativa*)
  - 19.02.2010: Neues Farbschema, Hinzufügung der *P.cus* (*Polygonum cuspidatum*) Sequenzen
  - 21.08.2009: Neue Sequenzen; neue Seite: "[Links zu Sequenzen des Verwandtschaftsbaums](#)"
  - 07.06.2009: Komplet neu entworfen, viele neue Sequenzen eingebaut
-