

Computergestützte Datenanalyse – Datensatzanalyse

Vergleichende Datenbankanalysen wurden mit Hilfe des im HUSAR-Programm angebotenen BLAST und FASTA in allen im Internet angebotenen Datenbanken durchgeführt. Für jeden der sechs Datensätze wurden die DNA-Sequenzen ausgerichtet („aligned“) und zunächst mit dem bloßen Auge hinsichtlich auffälliger Abweichungen geprüft. Binäre Files in Form eines „Multiple Alignments“ wurden mit Hilfe des Programmes *MEGA* (Kumar et al., 2001) als Megafiles erstellt.

Eine kladistische Analyse der Nukleotiddaten („Merkmale“) wurde unter Verwendung einer generalisierten Parsimoniemethode aus dem Programmpaket (Kumar et al., 2001) durchgeführt. Um mögliche Abstammungsbedingungen der binären Merkmale zu erklären, wurde durch Einbeziehung des „Outgroup⁷“-Stammes *S.Typhi* CT18 in die Analyse, eine Referenz geschaffen. Für die Etablierung der „Outgroup’s“ („rooten“) wurden die vorhandenen DNA-Sequenzen des *S.Typhi* Stammes CT18 verwendet, die im Internet zugänglich sind.

⁷ angenommene Taxa, die eine phylogenetische „Außenseite“ zur untersuchenden Gruppe darstellen