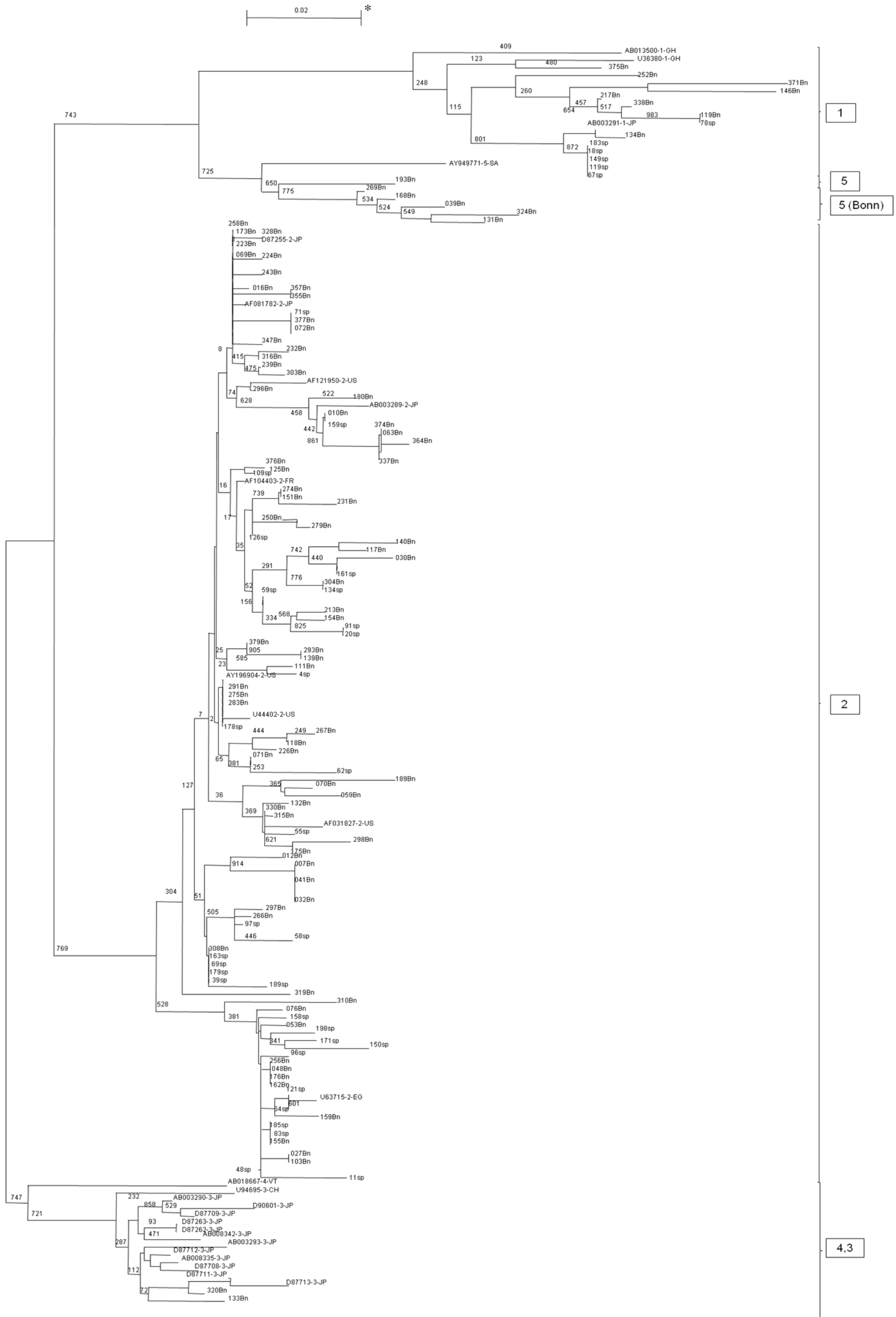


III. Phylogenetischer Baum der 5'UTR Sequenzen der Kohorten aus Barcelona (sp) und Bonn (Bn).



Phylogenetischer Baum der 5'UTR Sequenzen. Jeweils an den Knoten kann die „bootstrap value“ (1000 Wiederholungen) abgelesen werden. Die Länge der einzelnen Äste ist äquivalent zur genetischen Distanz.

*: Dieser Abstand entspricht einer genetischen Distanz von 0,02.