



Vom Flugdinosaurier zum Vogel: Software verbessert das Erstellen von Stammbäumen

Vom Flugdinosaurier zum Vogel: Software verbessert das Erstellen von Stammbäumen
Gemeinsame Pressemeldung der Universität des Saarlandes und der Universität Leipzig
Einer Studie amerikanischer Wissenschaftler aus dem Jahr 2011 zufolge gibt es auf der Erde schätzungsweise knapp neun Millionen Arten. In welchem verwandtschaftlichen Verhältnis diese stehen, untersuchen Evolutionsbiologen etwa anhand der Gene. Diese werden von Generation zu Generation an die Nachkommen weitergegeben. Manche von ihnen werden hierbei immer wieder dupliziert, mutieren oder gehen verloren - ein Mechanismus, der mit dafür sorgt, dass stets neue Arten entstehen. Das Problem der Wissenschaftler: Um die gesamte evolutionäre Geschichte der Arten zu bestimmen, können sie nur auf Gene von lebenden Arten und in einigen Ausnahmen auf die von ausgestorbenen Spezies, wie die des Neandertalers, zurückgreifen.
Bislang stehen beim Erstellen von Stammbäumen nur sogenannte orthologe Gene im Fokus. "Sie sind ähnliche DNA-Abschnitte in verschiedenen Arten vorhanden und gehen auf einen gemeinsamen Gen-Vorfahren zurück, aus dem neue Arten entstanden sind", erklärt Marc Hellmuth vom Zentrum für Bioinformatik an der Universität des Saarlandes. Das Team um Hellmuth und seinen Leipziger Kollegen Nicolas Wieseke hat eine Software entwickelt, die beim Aufspüren von Verwandtschaftsverhältnissen zwischen Arten erstmals auch weitere genetische Informationen nutzt. "Neben den orthologen betrachten wir zusätzlich paraloge Gene", so Hellmuth. "Sie gehen auf ein Vorläufer-Gen zurück, das sich bereits bei einem gemeinsamen Vorfahren verdoppelt hat und dann erst an die nachfolgenden Arten weitergegeben wurde." Eine dritte Gen-Gruppe (xenologe Gene) spielen bei Mikroorganismen eine Rolle.
"Mathematische Überlegungen haben uns gezeigt, dass sehr viel zur Konstruktion von Stammbäumen ungenutzte Information in den vorhandenen Daten versteckt sein sollte. Die Praxis zeigt uns nun, dass wir diese tatsächlich anzapfen können", sagt Professor Peter Stadler. Der Bioinformatiker der Universität Leipzig ist einer der Autoren des Artikels.
"Da wir bei unserer Methode erstmals deutlich mehr Informationen aus dem Erbgut einfließen lassen können als bislang üblich, ist das Berechnen exakterer Artenbäume möglich", so der Saarbrücker Wissenschaftler. Das Rechenverfahren der Bioinformatiker wertet dafür zunächst bestimmte Genabschnitte von Lebewesen aus und erkennt, ob diese etwa ortholog oder paralog sind. Darauf aufbauend errechnet es, in welchem verwandtschaftlichen Verhältnis die Arten zueinander stehen.
Auch andere Wissenschaftler wie Anthropologen oder Evolutionsforscher könnten die Technologie künftig nutzen, um genauere Verwandtschaftsverhältnisse aufzuspüren.
Neben Hellmuth und Wieseke, beide Erstautoren der Studie, waren an dieser Arbeit weitere Kollegen aus Leipzig und Saarbrücken sowie Forscher aus Marburg beteiligt.
Die Studie wurde veröffentlicht: Phylogenomics with Paralogs, Marc Hellmuth, Nicolas Wieseke, Martin Middendorf, Hans-Peter Lenhof, Marcus Lechner und Peter F. Stadler, PNAS, 2015. DOI: 10.1073/pnas.1412770112
Das Programm steht im Netz frei zur Verfügung: <http://pacosy.informatik.uni-leipzig.de/paraphylo>
Fragen beantworten:
Dr. Marc Hellmuth
Zentrum für Bioinformatik
Universität des Saarlandes
E-Mail: marc.hellmuth(at)bioinf.uni-sb.de
Tel.: +49 681 302-70895
Prof. Dr. Peter Stadler
Bioinformatik
Universität Leipzig
E-Mail: Peter.Stadler(at)bioinf.uni-leipzig.de
Tel.: +49 341 97-16691
Hinweis für Hörfunk-Journalisten: Sie können Telefoninterviews in Studioqualität mit Wissenschaftlern der Universität des Saarlandes führen, über Rundfunk-Codec (IP-Verbindung mit Direktwahl oder über ARD-Sternpunkt 106813020001). Interviewwünsche bitte an die Pressestelle (0681/302-2601).

Pressekontakt

Universität des Saarlandes

66041 Saarbrücken

marc.hellmuth(at)bioinf.uni-sb.de

Firmenkontakt

Universität des Saarlandes

66041 Saarbrücken

marc.hellmuth(at)bioinf.uni-sb.de

Die Universität des Saarlandes
Wir sind eine moderne Universität im dynamischen Dreiländereck von Deutschland, Frankreich und Luxemburg. Unsere Internationalität hat Tradition: Die Gründung der Universität des Saarlandes 1948 war ein deutsch-französisches Gemeinschaftsprojekt. Heute studieren in Saarbrücken und Homburg rund 18.100 junge Menschen, mehr als 16 Prozent von ihnen kommen aus dem Ausland. Der Campus liegt mitten im Grünen, Sport- und Kulturangebote sowie Cafés und Restaurants sorgen neben dem Studieren und Forschen für Entspannung und Erholung. Und mit dem ICE kommt man in knapp zwei Stunden von Saarbrücken nach Paris.