

Universität Leipzig: Nachrichten



Pressemitteilung 025/2015 vom 03.02.2015

Bereich: Forschung, Publikationen

Sachgebiet: Biowissenschaften

Vom Flugdinosaurier zum Vogel: Software verbessert das Erstellen von Stammbäumen

Ob Dinosaurier, Mammutbäume oder Eintagsfliegen - die Evolution hat im Laufe von Jahrmillionen vielerlei Lebewesen hervorgebracht. Um zu untersuchen, in welchem verwandtschaftlichen Verhältnis sie zueinander stehen, erstellen Forscher Stammbäume. Bioinformatiker aus Saarbrücken, Leipzig und Marburg haben nun ein Rechenverfahren entwickelt, das hierfür deutlich mehr Daten heranzieht, als dies bislang der Fall war. Die Methode zeigt exaktere Verwandtschaftsverhältnisse zwischen den Arten auf. Die Forschungsarbeit wurde in der renommierten Fachzeitschrift "Proceedings of the National Academy of Sciences" (PNAS) veröffentlicht.

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 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 als ähnliche DNA-Abschnitte in verschiedenen Arten vorhanden. Sie 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 einfließen lässt. "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

Kontakt

Pressestelle

Susann Huster
Ritterstraße 26
04109 Leipzig

Telefon: +49 341 97-35020

Telefax: +49 341 97-35029

E-Mail

Internes PF: 435021

weitere Informationen

Prof. Dr. Peter F. Stadler
Institut für Informatik / Bioinformatik
Telefon: +49 341 97-16691
E-Mail | Internet

weitere Angebote

- Suche in allen Nachrichten
- Pressemitteilungen per E-Mail
- Nachrichten als RSS-Feed
- Archiv der Nachrichten bis 11/2013 (nur im Intranet)

Gene) spiele bei Mikroorganismen eine Rolle.

"Mathematische Überlegungen haben uns gezeigt, dass sehr viel zur Konstruktionen von Stammbäumen ungenutzte Information in den vorhandenen Daten versteckt sein sollte. Die Praxis zeigt uns nun, dass wir diese tatsächlich anzapfen können", sagt Prof. Dr. 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", ergänzt Hellmuth. 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.

Fachveröffentlichung:

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

Jetzt bookmarken:     

letzte Änderung: 03.02.2015