



Embargo bis Donnerstag, den 02. März 2006, 19:00 WEZ

Klarere Sicht auf den Ursprung der Arten durch neuen Baum des Lebens

Ein umfassender Stammbaum eröffnet neue Erkenntnisse über den letzten gemeinsamen Vorfahren aller Lebewesen

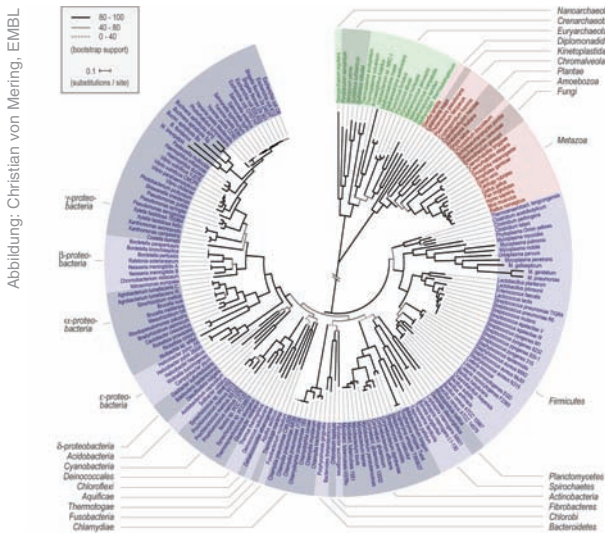


Abbildung: Christian von Mering, EMBL

und Leiter der Forschungsgruppe, die das Projekt durchführte. „Über lange Zeit war es sehr schwierig, aus der gewaltigen Datenmenge - allein die Information, die das menschliche Genom beinhaltet, würde 200 Telefonbücher füllen - die erforderliche Information für einen präzisen Stammbaum herauszufiltern. Unsere Untersuchung zeigt, wie diese Aufgabe durch die Kombination verschiedener Analysemethoden der Bioinformatik in einem automatisierten Prozess bewältigt werden kann.“

Das Labor von Peer Bork ist auf die Computeranalyse von Genomen spezialisiert und hat dieses Fachwissen jetzt auf den Baum des Lebens angewandt. Alle Lebewesen stammen von demselben Vorfahren ab und haben daher mehrere Gene gemeinsam. Francesca Ciccarelli und Tobias Doerks aus dem Team ist es gelungen, 31 Gene zu identifizieren, die in 191 Lebewesen – von Bakterien bis hin zu Menschen – eindeutig miteinander verwandte Vertreter haben. Anhand dieser Gene ist es möglich, die Verwandtschaft dieser Arten zurück zu verfolgen.

„Aber selbst Gene wie diese können einen in die Irre führen“, berichtet Ciccarelli. „Organismen erben die Mehrzahl ihrer Gene von den Eltern. Manche der Gene aber erwerben sie im Laufe der Evolution über den so genannten horizontalen Gentransfer (HGT), also im Austausch mit anderen Arten. Diese Gene geben natürlich keinerlei Auskunft über die Vorfahren eines Lebewesens. Der Trick bestand darin, eben diese Gengruppe zu identifizieren und aus der Analyse auszuklammern.“

„Durch unser Verfahren konnten wir das ‚Rauschen‘ in den Daten verringern und erfuhren bisher unbekannt Einzelheiten der frühen Evolution“, ergänzt Tobias Doerks. „So wissen wir jetzt, dass das erste Bakterium wahrscheinlich zu den gram-positiven Bakterien gehörte und möglicherweise bei hohen Temperaturen lebte – ein Indiz dafür, dass das Leben in heißen Umgebungen seinen Ursprung haben könnte.“

Der Baum des Lebens

Heidelberg, 02. März 2006 – Der erste „Baum des Lebens“ stammt aus dem Jahre 1870. Damals zeichnete der deutsche Wissenschaftler Ernst Haeckel erstmals die evolutionären Zusammenhänge zwischen Pflanzen und Tieren nach. Seit jener Zeit haben Wissenschaftler diesen Baum immer wieder neu entworfen, um Mikroorganismen erweitert und moderne molekulare Daten integriert. Von vielen Teilen des Baums fehlte jedoch bisher noch ein klares Bild. Forscher am Europäischen Laboratorium für Molekularbiologie (EMBL) in Heidelberg haben jetzt ein Analyseverfahren entwickelt, das viele der offenen Details klärt. Das Resultat ist der bisher wohl genaueste Baum des Lebens, den die Wissenschaftler in der neuesten Ausgabe der Zeitschrift *Science* präsentieren. Die Studie gewährt faszinierende Einblicke in den Ursprung von Bakterien und den letzten gemeinsamen Urahn allen heutigen Lebens auf unserer Erde.

„Die DNA-Sequenzen vollständiger Genome liefern uns ein direktes Zeugnis der Evolution“, erklärt Peer Bork, Koordinator für Struktur- und Computerbiologie am EMBL

Source Article:

F. D. Ciccarelli, T. Doerks, C. von Mering, C. J. Creevey, B. Snel & P. Bork. Towards automatic reconstruction of a highly resolved tree of life. *Science*, 03 March 2006.

Ansprechpartner:

Anna-Lynn Wegener, EMBL Press Officer, Heidelberg, Germany, Tel: +49 6221 387 452, www.embl.org, wegener@embl.de

Auch in anderen Forschungsfeldern der Gruppe führte der verbesserte Baum zu neuen Erkenntnissen. Bork und seine Mitarbeiter sind an Projekten beteiligt, die vom Meeresboden, aus Äckern oder anderen Umgebungen eine Unmenge an Genmaterial unbekannter Spezies

zusammentragen. „Die hohe Auflösung des neuen Baum des Lebens ermöglicht jetzt die Klassifizierung von Genmaterial aus dieser unerforschten Welt der Mikroben und erweitert unser Wissen über das Leben auf unserem Planeten.“ ●

Zu EMBL:

Das Europäische Laboratorium für Molekularbiologie ist ein Grundlagenforschungsinstitut, das sich über öffentliche Forschungsgelder aus 19 Mitgliedstaaten finanziert (Belgien, Dänemark, Deutschland, Finnland, Frankreich, Griechenland, Großbritannien, Irland, Island, Israel, Italien, Kroatien, Niederlande, Norwegen, Österreich, Portugal, Schweden, Schweiz und Spanien). Etwa 80 unabhängige Forschungsgruppen arbeiten am EMBL zu Themen des gesamten Spektrums der Molekularbiologie. Das Laboratorium ist in fünf Einheiten gegliedert: das Hauptlaboratorium in Heidelberg sowie Außenstellen in Hinxton (Europäisches Bioinformatik-Institut), Grenoble, Hamburg und Monterotondo bei Rom. Die Eckpfeiler der EMBL-Mission sind: molekularbiologische Grundlagenforschung; Ausbildung von Wissenschaftlern, Studenten und Gastforschern aller Ebenen; Serviceleistungen für Wissenschaftlern in den Mitgliedstaaten; Entwicklung neuer Instrumente und Methoden in den Biowissenschaften sowie aktiver Technologietransfer. Das internationale Doktorandenprogramm des EMBL umfasst rund 170 Studenten. Darüber hinaus ist das Laboratorium an einem aktiven Programm Wissenschaft und Gesellschaft beteiligt. Besucher aus Presse und Öffentlichkeit sind willkommen.

Policy regarding use

EMBL press releases may be freely reprinted and distributed via print and electronic media. Text, photographs & graphics are copyrighted by EMBL. They may be freely reprinted and distributed in conjunction with this news story, provided that proper attribution to authors, photographers and designers is made. High-resolution copies of the images can be downloaded from the EMBL web site: www.embl.org