

Darwins Erben machen Fortschritte: Mit DNA-Barcodes zum Stammbaum des Lebens

Frankfurt am Main, den 12. Dezember 2016. Ein internationales Forscherteam hat eine neue Methode entwickelt, um den Stammbaum des Lebens zu rekonstruieren. Sie schlagen vor, ‚große Datensätze‘ zu nutzen und diese mit DNA-Barcodes, die eigentlich zur Identifikation von Arten entwickelt wurden, zu kombinieren. In der Fachzeitschrift „Philosophical Transactions of the Royal Society B“ stellte das Team, dem auch der Senckenberg-Wissenschaftler Dr. Steffen Pauls angehört, anhand der Insekten-Ordnung der Köcherfliegen den bisher größten Stammbaum vor, der auf dieser Basis erstellt wurde. Die neue Methode könnte die Grundlagen für ein besseres Verständnis evolutionärer Zusammenhänge und deren Darstellung legen.

Darwin hat ihn skizziert und seitdem spukt er in der Köpfen der Wissenschaft herum – der Stammbaum des Lebens. Diese Ahnentafel der Evolution bildet die Abstammungsverhältnisse zwischen allen Organismen ab, ob winzig oder riesengroß, ob ausgestorben oder rezent. Früher suchten Forscher im Aussehen der Lebewesen nach Anhaltspunkten für deren Verwandtschaft und damit deren Platz im Baum des Lebens – heute anhand ihrer Morphologie und ihres Erbguts. Angesichts der fünf bis zwanzig Millionen geschätzten Arten auf der Erde ist das eine Mammutaufgabe.

Nun stellen Forscher in Aussicht, dass zumindest Teile des Stammbaums anhand von DNA-Barcodes genauer analysiert werden könnten. Dabei handelt es sich um genetische Fingerabdrücke von Arten, die aus der Analyse einer spezifischen Gensequenz bestehen, und anhand derer man aus DNA-Fragmenten ableiten kann, von welcher Art das Erbgut stammt. „Weltweit schlummern Millionen DNA-Barcodes von Arten in digitalen Archiven. Wir haben uns gefragt, wie man dieses Potential besser nutzen kann, um evolutionäre Fragestellungen zu beantworten“, erklärt Dr. Steffen Pauls vom Senckenberg Biodiversität und Klima Forschungszentrum.

Voraussetzung ist, dass neben DNA-Barcodes für wenige Arten größere Mengen der Erbinformation vorliegen, zum Beispiel ganze analysierte Genome oder Transkriptome (Teile des Genoms, die gerade aktiv sind). „Denn wenn beides vorhanden ist, kann man aus den Daten bereits entschlüsselter Genome oder

PRESSEMELDUNG
12.12.2016

Kontakt

Dr. Steffen Pauls
Senckenberg Biodiversität und
Klima Forschungszentrum
Tel. 069- 7542 1884
Steffen.pauls@senckenberg.de

Sabine Wendler
Pressestelle
Senckenberg Biodiversität und
Klima Forschungszentrum
Tel. 069- 7542 1818
pressestelle@senckenberg.de

Publikation

Zhou, X., Frandsen, P.B.,
Holzenthals, R.B., [...] Pauls, S.
U. et al. (2016): The Trichoptera
barcode initiative: a strategy for
generating a species-level Tree
of Life. Phil. Trans. R. Soc. B,
DOI: 10.1098/rstb.2016.0025
<http://tinyurl.com/jculx8y>

Pressebilder



Eine der Arten, deren
Einordnung in den Stammbaum
des Lebens mit der neuen
Herangehensweise erfolgte -
Drusus discolor aus der Ordnung
Köcherfliege (Trichoptera). © A.
Schmidt-Kloiber & W. Graf.

Pressebilder können kostenfrei
für redaktionelle Bericht-
erstattung verwendet werden
unter der Voraussetzung, dass
der genannte Urheber mit
veröffentlicht wird. Eine Weiter-
gabe an Dritte ist nur im Rahmen
der aktuellen Berichterstattung
zulässig.

Pressemitteilung und
Bildmaterial finden Sie auch
unter
www.senckenberg.de/presse

SENCKENBERG GESELLSCHAFT FÜR NATURFORSCHUNG

Dr. Sören B. Dürr | Alexandra Donecker | Judith Jördens

Senckenberganlage 25 | D-60325 Frankfurt am Main

T +49 (0) 69 7542 - 1561

F +49 (0) 69 7542 - 1517

pressestelle@senckenberg.de

www.senckenberg.de

SENCKENBERG Gesellschaft für Naturforschung | Senckenberganlage 25 | D-60325 Frankfurt am Main

Mitglied der Leibniz Gemeinschaft

SENCKENBERG

world of biodiversity

Transkripte des Gerüsts – also den ‚Stamm‘ und die ‚Äste‘ des Stammbaums – berechnen. Die Barcodes kämen anschließend ins Spiel, wenn es darum geht, die Spitzen auszufüllen – anders gesagt, die ‚Blätter‘ an die Äste zu hängen“, erklärt Pauls den neuen Ansatz. Aufgrund der schier unendlichen Datenmenge sollten jeweils einzelne Ordnungen und deren genetische Daten in einem Zusammenhang analysiert werden; der große Stammbaum des Lebens würde anschließend aus den detaillierten ‚Mini-Bäumen‘ zusammengesetzt.

Durchgespielt haben die Forscher ihre neue Methode anhand der Ordnung der Köcherfliegen Trichoptera. Köcherfliegen gelten aufgrund ihrer Empfindlichkeit als Bioindikatoren für die Wasserqualität. Über 14.500 Arten der Insekten, die rund um den Globus nahezu alle Gewässertypen besiedeln, sind heute bekannt. In den großen Datenbanken der Barcode of Life-Bibliothek fanden die Wissenschaftler 38.000 geeignete Trichoptera-Barcodes, die über ein Drittel dieser bekannten Arten repräsentieren und mit denen jede Familie vertreten ist. Durch Zusammenführung mit multiplen Genanalysen von über 16.000 Haplotypen konnte die Gruppe den bis dato umfangreichsten Stammbaum dieser kleinen Insekten erstellen.

Dieses Vorgehen könnte – geht es nach Pauls und seinen Kollegen – auch für andere Ordnungen als Blaupause dienen. „Die meisten Trichoptera-Arten wurden bisher nie einer phylogenetischen Analyse unterzogen, die klären könnte, wie sie untereinander verwandt sind. Dieses Schicksal teilen sie mit der Mehrzahl aller Arten“, so Pauls und fährt fort: „Es gibt noch viel zu tun, wenn wir einen vollständigen Stammbaum des Lebens bauen wollen. Unsere Methode zeigt eine Möglichkeit auf, wie das Projekt vorangebracht werden kann.“

*Die Natur mit ihrer unendlichen Vielfalt an Lebensformen zu erforschen und zu verstehen, um sie als Lebensgrundlage für zukünftige Generationen erhalten und nachhaltig nutzen zu können - dafür arbeitet die **Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung** seit nunmehr fast 200 Jahren. Diese integrative „Geobiodiversitätsforschung“ sowie die Vermittlung von Forschung und Wissenschaft sind die Aufgaben Senckenbergs. Drei Naturmuseen in Frankfurt, Görlitz und Dresden zeigen die Vielfalt des Lebens und die Entwicklung der Erde über Jahrmillionen. Die Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung ist ein Mitglied der Leibniz-Gemeinschaft. Das Senckenberg Naturmuseum in Frankfurt am Main wird von der Stadt Frankfurt am Main sowie vielen weiteren Partnern gefördert. Mehr Informationen unter www.senckenberg.de.*

2016 ist Leibniz-Jahr. Anlässlich des 370. Geburtstags und des 300. Todestags des Universalgelehrten Gottfried Wilhelm Leibniz (*1.7.1646 in Leipzig, † 14.11.1716 in Hannover) veranstaltet die Leibniz-Gemeinschaft ein großes Themenjahr. Unter dem Titel „die beste der möglichen Welten“ – einem Leibniz-Zitat – rückt sie die Vielfalt und die Aktualität der Themen in den Blick, denen sich die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler der bundesweit 88 Leibniz-Einrichtungen widmen. www.bestewelten.de