

Das Erbgut als Schlüssel zum Stammbaum

Wenn Biologen eine bis dahin unbekannte Tier- oder Pflanzenart entdecken, versuchen sie aufzuklären, mit welchen anderen Arten dieses Lebewesen verwandt ist. Ein wichtiges Hilfsmittel dabei ist die Analyse und der Vergleich des Erbmaterials, der DNA. Tübinger Bioinformatiker fassen in einem Buch Theorie und Praxis der Ermittlung evolutionärer Verwandtschaften zusammen.

Daniel Huson, Professor für Bioinformatik an der Universität Tübingen, hat zur Entwicklung der mathematischen Methoden dieser Erbgutanalyse entscheidende Beiträge geleistet. Gemeinsam mit zwei Mitarbeiterinnen hat Huson jetzt ein 362 Seiten starkes Fachbuch veröffentlicht, in dem er den Stand seines Spezialgebietes, die Phylogenetische Analyse, zusammengetragen und in einzelnen Kapiteln auch weiterentwickelt hat.

In der klassischen Biosystematik werden die Verwandtschaftsverhältnisse zwischen Tier- und Pflanzenarten im Grundsatz dadurch bestimmt, dass äußere Merkmale der Lebewesen verglichen werden. Dieses Verfahren ist bis heute unersetzlich. Doch es wird mehr und mehr durch die Analyse der DNA ergänzt. Die Vielfalt der Tiere und Pflanzen auf der Erde ist im Zuge der Evolution entstanden, einer natürlichen Veränderung des Erbmaterials und damit einer natürlichen Variation von Eigenschaften. Kleine Mutationen von Eltern zu Kindern und Kindeskindern haben sich im Verlauf der Evolution zu neuen Eigenschaften und schließlich auch zu neuen Arten herausgebildet. Deshalb spiegeln sich Verwandtschaftsverhältnisse in den Genen wider und lassen sich auch dann rekonstruieren, wenn sich Arten über lange Zeiträume so weit auseinander entwickelt haben wie der moderne Mensch von den verschiedenen Urmenschen und den gemeinsamen Vorfahren bei den Affen. Vergleicht man charakteristische Abschnitte des Erbguts verschiedener Lebewesen, so lassen sich diese in einen Stammbaum, einen Stammbusch oder ein Netzwerk von Verwandtschaften einordnen, das im Idealfall nicht nur die Tatsache der Verwandtschaft deutlich macht, sondern auch, wie eng diese Verwandtschaft ist und über welche Stufen sie gegangen ist. Eine solche Zuordnung lässt sich allein auf der Basis des Erbguts aufstellen, wird aber in der Praxis mit dem kundigen Blick des Biologen überprüft.

Die klassische und auch außerhalb der Wissenschaft am besten bekannte Form, Verwandtschaftsverhältnisse darzustellen, ist der Baum. Im Idealfall führt er eine Jahrhunderttausende lange, weit verzweigte evolutionäre Entwicklung auf eine Wurzel, einen einzelnen Urahn zurück. Daniel Huson spricht auch in diesem Fall nicht von einem Baum, sondern allgemeiner von einem Netzwerk – in diesem Fall einem gewurzelten Netzwerk (rooted network). „Biologen möchten am liebsten gewurzelte Bäume oder Netzwerke“, sagt er. Die mathematischen Verfahren, ein gewurzeltes Netzwerk aus vorliegenden Erbgutinformationen zusammenzufügen, sind Gegenstand intensiver Forschung, auch in der Abteilung von Daniel Huson. Einige neuere Ergebnisse sind eigens für das Buch entwickelt worden, andere sind bereits als Artikel in Fachzeitschriften veröffentlicht. Da allein die grafische Darstellung eines Baums oder Netzwerkes sehr komplex sein kann, haben Huson und seine Mitarbeiter seit 2008 ihr Computerprogramm „Dendroscope“ entwickelt, das auf die Darstellung solcher Bäume und Netzwerke spezialisiert ist.

Eine Analyse und ein Vergleich des Erbguts verschiedener Lebewesen liefert aber zunächst einmal ein Netz von Verwandtschaftsverhältnissen. Daraus muss nicht unbedingt eine Information über einen zeitlichen Ablauf hervorgehen, also darüber, wer in diesem Netz der Urahn ist und wer der jüngste Enkelspross. Diese Information kann aber ein Biologe einspeisen, indem er das Lebewesen identifiziert, das als das älteste bekannt ist. Das Computerprogramm, das zunächst ein Netzwerk gezeichnet hat, kann dann eine neue Darstellung auswerfen, mit dem Urahn als Wurzel. „Viele Methoden der Bioinformatik berechnen zuerst ein ungewurzeltes Netzwerk, das anschließend gewurzelt wird“, sagt Huson, und ergänzt: „Es gibt gute und robuste Methoden für ungewurzelte Netzwerke, während auf dem Gebiet der gewurzelten noch viel Forschung nötig ist.“

Der Unterschied zwischen gewurzelten und ungewurzelten (unrooted) Netzwerken liegt Huson besonders am Herzen, weil sie wichtig sind für das Verständnis mancher Ergebnisse seines Computerprogramms „SplitsTree“. Seit der ersten Version von 1998 hat er es immer weiter entwickelt. Wie wichtig das Programm seitdem für die Forschung geworden ist, zeigt die Tatsache, dass eine Fachveröffentlichung über die Programmversion von 2006 inzwischen 900 mal zitiert worden ist.



Phylogenetic Networks

Concepts, Algorithms and Applications

Daniel H. Huson
Regula Rupp
Celine Scornavacca

CAMBRIDGE

Eine Stärke von „SplitsTree“ ist: Es berücksichtigt, dass Evolution oft ganz und gar nicht baumartig voranschreitet. Im Baum der

Evolution können Äste auch wieder zusammenwachsen oder Triebe von einem Ast zu einem anderen entstehen. Vor allem aber kann es Verzweigungen geben, die nicht eindeutig sind. Im Erbgut eines Lebewesens können bestimmte Abschnitte einen anderen evolutionären Weg gegangen sein als andere. Je nachdem, welchen Abschnitt des Erbguts man sich ansieht, ist die ermittelte Abfolge von Eltern und Urahnen eine andere. Beispiele dafür sind etwa Bakterien, die untereinander Genmaterial austauschen können, oder Viren, die im Wege der sogenannten Reassortierung Erbgut austauschen können. Ein Beispiel ist das Vogelgrippevirus. Nimmt es Genmaterial eines menschlichen Virus auf, kann daraus ein neues, für Menschen gefährliches Virus entstehen. Auch die Hybridisierung ist eine Querverbindung zwischen Ästen der Evolution. Fische können über Verwandtschaftsgrenzen hinweg Hybride bilden, und das Maultier ist ein Hybrid aus Pferd und Esel.

„SplitsTree“ zeichnet in solchen Fällen Netzwerke, in denen Zweige sich trennen, Querverbindungen aufbauen und schließlich wieder zusammenwachsen. Solche Darstellungen brauche die Wissenschaft unter anderem, sagt Huson, „um Unstimmigkeiten in den Daten zu visualisieren“. Er nennt sie deshalb „abstrakte“ Netzwerke, die man nicht mit „konkreten“ Netzwerken verwechseln dürfe, die eine tatsächliche Evolution darstellen sollen.

Das Buch stellt im ersten Teil die Grundlagen der Stammbaumforschung (Phylogenie) dar, entwickelt im zweiten Teil die Theorie der Netzwerke und behandelt im dritten Teil die mathematischen Methoden (Algorithmen) und Anwendungsverfahren. Idee und Konzept des Buches sind 2007 im Rahmen eines viermonatigen Forschungsprogramms des Newton-Instituts der Universität von Cambridge, England, entstanden. Huson und seine Schweizer Mitarbeiterin Dr. Regula Rupp haben bis zum Sommer 2009 drei Viertel des Buches fertiggestellt, dann ist die Italienerin Dr. Celine Scornavacca in die Arbeit eingestiegen. Das Buch wurde mit Unterstützung der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) geschrieben.

Das Buch:

Daniel H. Huson, Regula Rupp, Celine Scornavacca: Phylogenetic Networks. Concepts, Algorithms and Applications. Cambridge University Press 2010, 374 Seiten, etwa 44 Euro

Pressemitteilung

24.03.2011

Quelle: Universität Tübingen - 16.03.2011

Weitere Informationen

Prof. Dr. Daniel Huson
Universität Tübingen
Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät
Fachbereich Informatik (Wilhelm-Schickard-Institut)
Abteilung Algorithmen in der Bioinformatik
Sand 1472076 Tübingen
Tel.: +49 7071 29-70451
E-Mail: daniel.huson[at]uni-tuebingen.de