



Embargo bis Donnerstag, den 24. November 2005, 19:00 Uhr WEZ

Die Gene des Menschen sind ursprünglicher als Vermutet



Detlev Arendt (links), Florian Raible und Peer Bork.

Heidelberg, 25. November 2005 – Im Laufe der Evolution veraendern sich Lebewesen unterschiedlich stark und schnell, was man aus den heutigen Genomen ablesen kann. Überraschenderweise scheinen sich die Gene des Menschen eher langsam zu entwickeln. Wissenschaftler am Europäischen Laboratorium für Molekularbiologie (EMBL) haben herausgefunden, dass unsere Gene ursprüngliche Merkmale aufweisen, die von weit zurückliegenden Vorfahren ererbt wurden und die in schneller evolvierenden Arten verloren gegangen sind. Mit dieser Erkenntnis ändert sich unsere Vorstellung, wie die Ur-Gene unser frühen tierischen Vorfahren ausgesehen haben. Die Arbeit erscheint diese Woche in der Wissenschaftszeitschrift *Science*.

Die DNS-Sequenz unserer Gene enthält den Code für den Bau unserer Proteine. Die codierenden Abschnitte der Gensequenz werden dabei aber immer wieder von nicht-codierenden Sequenzabschnitten, den sogenannten *Introns*, unterbrochen. Diese Introns müssen vor dem Ablesen der Gensequenz entfernt werden, markieren andererseits aber auch Stellen, an denen die Zelle unterschiedliche Teile eines Gens kombinieren kann, um so eine Vielfalt an Proteinen aus einem einzigen Gen herzustellen. Genforscher vermuteten bislang, dass menschliche Gene, und auch die aller anderen Wirbeltiere, im Laufe der Evolution immer mehr Introns dazu gewonnen haben. Die neue Arbeit zeigt jedoch, dass Introns bereits in frühesten tierischen Vorfahren recht häufig waren und dass schnell evolvierende Arten wie z. B. Insekten viele Introns verloren haben müssen.

Source Article:

F. Raible, K. Tessmar-Raible, K. Osoegawa, P. Wincker, C. Jubin, G. Balavoine, D. Ferrier, V. Benes, P. de Jong, J. Weissenbach, P. Bork & D. Arendt. Vertebrate-type intron-rich genes in the marine annelid *Platynereis dumerilii*. *Science*, November 25, 2005

Um etwas über unsere frühen tierischen Vorfahren zu erfahren, vergleichen Wissenschaftler heutige Nachfahren und suchen dort nach Gemeinsamkeiten. Dies stößt jedoch an Grenzen, wenn die heute lebenden Nachfahren nur sehr entfernt verwandt sind, wie z. B. Mensch und Fliege. Wenn man über solche evolutionären Entfernungen vergleichen will, muss man Tierarten wählen, die viele ursprüngliche Merkmale behalten haben. Diesen Ansatz verfolgt die Forschungsgruppe von Detlev Arendt am EMBL, die den Meeresringelwurm *Platynereis dumerilii* erforscht. „Ähnlich aussehende Tiere findet man bereits unter den frühesten Fossilien des Kambriums, des Erdaltertums, an die 600 Millionen Jahre alt“, erklärt Arendt, „so dass man *Platynereis* als eine Art 'lebendes Fossil' bezeichnen kann. Daher ist dieses Tier auch in idealer Weise geeignet, um im Vergleich mit anderen ursprünglichen Tierarten etwas über die letzten gemeinsamen Vorfahren von Menschen, Fliegen und Würmern herauszufinden.“

Klassische Merkmale für diese Vergleiche sind Knochen, Zähne oder bestimmte Gewebe. Aber das Entschlüsseln des genetischen Codes erlaubt es heute, auch DNS-Sequenzen zu vergleichen, um etwas über ursprüngliche Gene zu erfahren. Ein internationales Konsortium aus Forschern vom EMBL, sowie aus Großbritannien, Frankreich und den USA hat nun einen Teil des Genoms von *Platynereis* sequenziert. „Die Gene, die wir vergleichen konnten, sprechen eine deutliche Sprache“, erklärt Genforscher Florian Raible, der einen Großteil der Computeranalyse durchgeführt hat. „Die Gene des Meeresringelwurms ähneln menschlichen Genen in verblüffender Weise. Sie haben viele Introns. Das ergibt ein ganz anderes Bild, als wir es bislang durch den Vergleich mit schnell evolvierenden Arten erlangen konnten.“

Raible gehört am EMBL nicht nur der Gruppe von Arendt sondern auch der von Peer Bork an, die auf die Genomanalyse per Computer spezialisiert ist. „Menschliche Gene sind typischerweise komplizierter aufgebaut als Fliegengene“, erklärt Bork. Klassische Modellsysteme wie die Fliege haben viel weniger Introns. Daher haben viele Wissenschaftler geglaubt, dass Gene im Verlauf der Evolution immer komplexer geworden sind. Auf Grund theoretischer Studien gab es allerdings auch

Grund zum Zweifel an der Allgemeingültigkeit dieses Prinzips. "Jetzt haben wir direkte Beweise, dass unsere frühesten Vorfahren bereits komplexe Gene hatten, und dass ein Teil dieser Komplexität in einigen Evolutionslinien sekundär wieder verloren gegangen ist."

Der Meeresringelwurm *Platynereis* hat nicht nur viele Introns wie der Mensch, er hat diese auch an denselben Sequenzpositionen, die über mehr als eine halbe Milliarde Jahre in der Evolution bewahrt worden sind. "Damit wissen wir zweierlei", erklärt Raible. "Die meisten Introns in unseren Genen sind sehr alt, und sie sind in langsam evolvierenden Evolutionslinien wie denjenigen der Wirbeltiere oder der Ringelwürmer bewahrt worden. Damit

sind wir als Menschen gleichermaßen eine Art 'lebendes Fossil'."

Die Entdeckung, dass Ringelwürmer auch eine wenig veränderte Tiergruppe darstellen, hat nicht zuletzt auch Bedeutung für ein besseres Verständnis des Menschen. "Wir haben unglaublich viel von der Fliege über den Menschen gelernt," ergänzt Arendt. "Der Seeringelwurm kann uns vielleicht noch mehr über bestimmte in der Evolution konservierte Prozesse verraten. Außerdem sehen wir, dass es in der Evolution nicht immer nur um den Neuerwerb von Merkmalen geht. Auch der Verlust von komplexen Merkmalen ist ein häufig wiederkehrendes Motiv in der Evolution." ●

Die 18 EMBL-Mitgliedsstaaten: Belgien, Dänemark, Deutschland, Finnland, Frankreich, Griechenland, Großbritannien, Irland, Island, Israel, Italien, die Niederlande, Norwegen, Österreich, Portugal, Spanien, Schweden und Schweiz.



Zu EMBL:

Das Europäische Laboratorium für Molekularbiologie ist ein Grundlagenforschungsinstitut, das mit öffentlichen Geldern aus 18 Mitgliedsländern finanziert wird - unter ihnen die meisten EU-Länder, die Schweiz und Israel. Die Forschung bei EMBL wird durch etwa 80 unabhängige Gruppen durchgeführt, die das Spektrum der Molekularbiologie abdecken. Das Laboratorium gliedert sich in fünf Einheiten: das Hauptlabor in Heidelberg sowie Außenstellen in Hinxton (das Europäische Institut für Bioinformatik), Grenoble, Hamburg und Monterotondo in der Nähe von Rom. Die Eckpfeiler von EMBLs Mission sind: Grundlagenforschung im Bereich der Molekularbiologie durchzuführen, Wissenschaftler, Studenten und Gäste auf jedem Niveau auszubilden, den Wissenschaftlern in den Mitgliedsstaaten zentrale Dienste anzubieten und neue Instrumente und Methoden für die Lebenswissenschaften zu entwickeln. An dem internationalen PhD-Programm von EMBL nehmen etwa 170 Studierende teil. Das Laboratorium fördert außerdem ein aktives Programm "Wissenschaft und Gesellschaft". Besucher aus Presse- und Öffentlichkeit sind herzlich willkommen.

Nutzungsbedingungen:

Diese Pressemeldung von EMBL darf frei über Print- und elektronische Medien nachgedruckt und verbreitet werden. Die Rechte für Texte, Fotos und Grafiken gehören EMBL. Sie dürfen im Zusammenhang mit dieser Nachrichtenmeldung unter der Voraussetzung frei nachgedruckt und verbreitet werden, dass die Autoren, Fotografen und Grafiker korrekt genannt werden. Bilder mit hoher Auflösung können von den Internetseiten von EMBL bezogen werden: www.embl.org.