



G / 2009 (18)

12. Februar 2009

Sendesperrfrist: 12. Februar 2009, 16:00 Uhr

Eine erste Version des Neandertaler-Genoms

Gemeinsame Pressekonferenz des Max-Planck-Instituts für evolutionäre Anthropologie und der 454 Life Sciences Corporation am 12. Februar 2009

Es ist eine der spannendsten Fragen zur Menschheitsgeschichte: Welche genetischen Veränderungen haben zur Entwicklung des modernen Menschen beigetragen und schließlich dazu geführt, dass er sich vor etwa 100.000 Jahren von Afrika ausgehend über die gesamte Welt verbreiten konnte? Die Forscher des Max-Planck-Instituts für evolutionäre Anthropologie hoffen, dass sie im Genom unseres ausgestorbenen Verwandten, des Neandertalers, Antworten auf diese Fragen finden. Deshalb startete Svante Pääbo, Direktor der Abteilung für Evolutionäre Genetik, vor drei Jahren mit der Sequenzierung des Neandertaler Genoms. Mit finanzieller Unterstützung durch die Max-Planck-Gesellschaft konnten Pääbo und seine Kollegen mittels speziell für dieses Projekt entwickelter Methoden mehr als eine Milliarde DNA-Fragmente sequenzieren, welche aus drei verschiedenen kroatischen Neandertaler-Fossilien extrahiert wurden. Auf der Pressekonferenz am 12. Februar in Leipzig wird das internationale Forscherteam weitere Details vorstellen.

Max-Planck-Gesellschaft
zur Förderung
der Wissenschaften e.V.
Referat für Presse- und
Öffentlichkeitsarbeit

Hofgartenstraße 8
80539 München

Postfach 10 10 62
80084 München

Tel.: +49 (0)89 2108 - 1276
Fax: +49 (0)89 2108 - 1207
presse@gv.mpg.de
Internet: www.mpg.de

Leiterin
Wissenschaftskomm.:
Dr. Christina Beck (-1275)

Pressesprecherin / Leiterin
Unternehmenskomm.:
Dr. Felicitas von Aretin (-1227)

Chefin vom Dienst:
Barbara Abrell (-1416)

ISSN 0170-4656



Abb. Das Neandertaler-Forschungsteam aus Leipzig: Johannes Krause, Adrian Briggs, Richard E. Green, Svante Pääbo (von li. nach re.).

Bild: Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie

Neandertaler waren die nächsten Verwandten der heutigen Menschen. Sie lebten in Europa und Teilen von Asien, bevor sie vor etwa 30.000 Jahren ausstarben. Seit nun mehr als einhundert Jahren versuchen Paläontologen und Anthropologen die evolutionäre Beziehung von Neandertalern und heutigen Menschen aufzuklären. Als Svante Pääbo, der ein Pionier auf dem Gebiet der Erforschung alter DNA ist, im Jahre 1997 erstmals mitochondriale DNA von Neandertalern sequenzierte und analysierte, lieferte er erste, genetische Daten zur Beantwortung dieser Frage.

Gemeinsam mit der Firma 454 Life Sciences kann Pääbo nun einen Meilenstein in der Neandertaler-Forschung verkünden: Die beiden Gruppen haben gemeinsam mehr als drei Milliarden Basen Neandertaler-DNA sequenziert und somit in einer ersten Version das gesamte Neandertaler-Genom rekonstruiert. Insgesamt decken die Fragmente mehr als 60 Prozent des Genoms ab. "Diese Sequenzen können nun mit den bereits sequenzierten Genomen von Menschen und Schimpansen verglichen werden, um festzustellen, wie das Genom der ausgestorbenen Neandertaler von dem des heutigen Menschen abweicht", erklärt der Molekularbiologe.

Erste Erfolge mit der 454-Technologie konnte Pääbos Arbeitsgruppe gemeinsam mit 454 Life Sciences schon 2006 feiern: Es gelang ihnen, Zellkern-DNA von ausgestorbenen Arten, wie dem Mammut und dem Neandertaler, zu bestimmen. "Aufbauend auf diesen Ergebnissen initiierte Pääbo gemeinsam mit uns das ehrgeizige Projekt der Neandertaler-Genom-Sequenzierung", erklärt Michael Egholm, Vizepräsident für Forschung und Technik bei 454 Life Sciences.

Dabei waren etliche technische Schwierigkeiten zu überwinden. Essenziell für die Sequenzierung war die von der Leipziger Gruppe etablierte Herstellung von DNA-Sequenzier-Bibliotheken unter Reinstraumbedingungen. Damit konnten die Forscher sicherstellen, dass die Experimente nicht mit DNA heutiger Menschen kontaminiert werden. Darüber hinaus entwarf die Gruppe spezielle Erkennungssequenzen, welche unter Reinstraumbedingungen an die Moleküle der alten DNA gekoppelt werden. Diese Sequenzen ermöglichen es auch, die Kontamination mit anderen DNA-Quellen während der eigentlichen Sequenzierung auszuschließen (was in den Pilotexperimenten von 2006 noch ein Problem gewesen war).

Den Forschern gelang es, mittels kleinster Mengen radioaktiv markierter DNA Schritte im Sequenzierablauf zu identifizieren, an denen ein Verlust der extrahierten alten DNA auftrat. Durch diese und andere Weiterentwicklungen konnte die benötigte Menge des kostbaren Fossilienmaterials drastisch reduziert werden. "Die nun hergestellte erste Version des Genoms konnte mit weniger als einem halben Gramm Knochen erzeugt werden", betont Pääbo.

Um Neandertaler-DNA-Sequenzen mit denen von Menschen und Schimpansen - jenem Menschenaffen, der uns am nächsten steht - verlässlich vergleichen zu können, hat die Leipziger Arbeitsgruppe detaillierte Studien durchgeführt - das Ziel: Herauszufinden, an welchen Stellen chemische Veränderungen an alter DNA auftreten und wie sich diese auf die Sequenzierung auswirken. Tatsächlich treten Veränderungen überwiegend an den Enden der Moleküle auf. Sie lassen sich auf eine bestimmte Veränderung einer der Basen in der DNA zurückführen, die im Laufe der Zeit in den Fossilien entsteht. "Mit diesem Wissen konnten wir viel besser DNA-Fragmente des Neandertaler-Genoms von denen der Mikroorganismen unterscheiden, welche über die Jahrtausende in den Knochen eingedrungen sind", sagt Pääbo.

Spezielle Computeralgorithmen mussten entwickelt werden, um die Neandertaler-DNA-Fragmente einander zuzuordnen und sie mit dem menschlichen Genom zu vergleichen. Insgesamt hat die Leipziger Gruppe die Sequenzen von über 100 Millionen DNA-Fragmenten aus Fossilien mittels der 454-Technologie und über eine Milliarde mittels der Solexa-Technologie bestimmt, einer weiteren Sequenzierplattform, welche insbesondere für viele kurze DNA-Fragmente geeignet ist.

Ein Großteil der Sequenzen stammt von Neandertaler-Knochen aus der Vindija Höhle in Kroatien. Diese werden im Rahmen einer Langzeitkooperation zwischen der Kroatischen Akademie der Wissenschaften und Künste und der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften untersucht. Um die

Analyseergebnisse auf eine breitere Basis zu stellen und zu prüfen, ob die Beobachtungen auch für andere Neandertaler gültig sind, haben die Forscher mehrere Millionen Basenpaare von Neandertalern anderer Fundorte bestimmt: So haben Javier Fortea und seine Kollegen aus Oviedo (Spanien) 43.000 Jahre alte Neandertalerknochen unter sterilen Bedingungen an der El Sidron-Fundstelle in Spanien freigelegt und für das Projekt zur Verfügung gestellt; Lubov Golovanova und Vladimir Doronichev aus St. Petersburg (Russland) haben einen zwischen 60.000 bis 70.000 Jahre alten Knochen aus der Mezmaiskaya Höhle im Kaukasus beigesteuert, und Ralf Schmitz vom Landesmuseum in Bonn gestattete eine Probenahme von dem 40.000 Jahre alten Skelett, welches 1856 im Neandertal, etwa 10 km östlich von Düsseldorf, gefunden wurde und dem Neandertaler seinen Namen gab.

Für die Analyse des Neandertaler Genoms hat Pääbo inzwischen ein Konsortium von Wissenschaftlern aus aller Welt zusammengestellt. Sie werden u.a. verschiedene Gene untersuchen, die für die neuere menschliche Entwicklung von besonderer Bedeutung waren, darunter das FOXP2-Gen, welches möglicherweise maßgeblich zu unserer Sprachfähigkeit beigetragen hat. Darüber hinaus sind die Forscher am sogenannten Tau-Locus und dem Microcephalin-1 interessiert, Gene, die mit Alterung und der Entwicklung des Gehirns assoziiert werden. Beim modernen Menschen finden sich Varianten dieser beiden Gene, die möglicherweise von Neandertalern an heutige Menschen vererbt wurden. "Vorläufige Ergebnisse unseres Konsortiums deuten allerdings darauf hin, dass Neandertaler, wenn überhaupt, nur einen sehr geringen Anteil zu der bei den heutigen Menschen gefundenen Varianz beigetragen haben", so der Max-Planck-Forscher. Er hofft, fundierte Ergebnisse der Analyse noch in diesem Jahr veröffentlichen zu können.

Die Pressekonferenz wird am 12. Februar 2009 in Leipzig stattfinden und gleichzeitig auf der Jahresversammlung der AAAS in Chicago übertragen. Sie beginnt um 9:00 Uhr CST/16:00 Uhr MEZ.

Journalisten werden die Möglichkeit haben, sich bereits eine Stunde vor Beginn der Pressekonferenz (8:00 Uhr CST/15:00 Uhr MEZ) über eine Webseite (<http://www.eva.mpg.de/english/events.htm>) anzumelden und sich auf die Live-Übertragung der Videokonferenz vorzubereiten.

Neben Prof. Svante Pääbo werden andere Forscher des Max-Planck-Instituts, Dr. Michael Egholm von 454 Life Sciences, sowie Paläontologen and Anthropologen aus Kroatien, Spanien und Deutschland teilnehmen.

Fragen können vor und nach der Konferenz per Email an neandertal@eva.mpg.de geschickt werden. Professor Pääbo wird das Projekt ebenfalls in seinem Plenarvortrag auf der AAAS Jahresversammlung am 15. Februar in Chicago präsentieren.

Kontakt:

Sandra Jacob
Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie, Leipzig
Tel.: +49 341 3550-122
Fax: +49 341 3550-119
E-mail: info@eva.mpg.de