

Presseaussendung

Wiener Gregor Mendel Institut: Neue Arten entstehen anders als bislang vermutet

Die Sequenzierung der gesamten Gattung des Unkrauts *Arabidopsis* liefert Hinweise, dass Arten nicht nur durch Teilung entstehen

(Wien 18. Juli 2016) **Erstmals haben Forscher die Genome aller Arten einer gesamten Gattung sequenziert. Dabei hat sich herausgestellt, dass der Prozess der Artenbildung nicht so einfach ist wie ursprünglich gedacht.**

Arten sind der einfachste Baustein des biologischen Klassifikationsschemas (Taxonomie). Eine Art ist im Allgemeinen definiert als die größte Gruppe von Organismen, die fruchtbaren Nachwuchs erzeugen kann. Die nächste Ebene der Klassifizierung ist die Gattung, eine Gruppe eng verwandter Arten. Die Gattung *Canis* beispielsweise umfasst Wölfe und Hunde: *Canis lupus* ist der Wolf, wobei *lupus* der Artername ist. *Canis aureus* ist der europäische Goldschakal.

Eine der größten Fragen der Evolutionsbiologie ist es, wie der Prozess der Artenbildung vor sich geht – wie die Evolution eine Population dazu bewegt, sich von anderen zu unterscheiden. Klassische Betrachtungsweisen der Evolution beschreiben diesen Prozess als eine Teilung, bei der sich zwei Gruppen trennen und dann unabhängig weiter entwickeln. Am Montag wurde in *Nature Genetics* eine neue Arbeit eines internationalen Konsortiums mit dem Labor von Magnus Nordborg vom Gregor Mendel Institut für Molekulare Pflanzenbiologie (GMI) der Österreichischen Akademie der Wissenschaften (ÖAW) an der Spitze publiziert: Dabei wurde dieses Modell geprüft, indem die Genome von 94 Individuen der Pflanze *Arabidopsis* sequenziert wurden. Die 94 Individuen stammen aus allen 27 Arten dieses kleinen, in Europa beheimateten Unkrauts, zu denen auch die Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* zählt. Die Arbeit liefert Details, wie die Artenentwicklung - die bei *Arabidopsis* vor geschätzten sechs Millionen Jahren begonnen hat - verschiedene genetische Varianten quer durch die Gattung bildete.

Am interessantesten ist, dass diese Arbeit zeigt, dass der Prozess der Artenbildung nicht als einfache Abspaltung passiert. Obwohl angenommen wird, dass sich *Arabidopsis thaliana* vor sechs Millionen Jahren von den anderen Arten getrennt hat, fanden die Forscher, dass die Art mehr genetische Variationen mit der *Arabidopsis lyrata* gemeinsam hat als mit anderen Arten. Das beweist, dass *Arabidopsis thaliana* und *lyrata* sich sehr viel später als vermutet nicht mehr gemeinsam reproduzierten und daher eigene Arten wurden.

Die Forscher konnten auch Gene identifizieren, die sich in dieser Zeit sehr wenig entwickelt haben. Sie identifizierten vier Gene, die in die Abwehr von Viren involviert sind und gemeinsame Varianten quer durch die gesamte Gattung aufweisen, was vermuten lässt, dass die Evolution diese genetische Variation beibehielt. Dann gingen die Forscher dazu über, genetische Variationen zu identifizieren, die für manche Arten einzigartig sind, da diese Variationen wichtig für die Artenentwicklung gewesen sein könnten.

In einer Art, die bekannt dafür ist in einer Umgebung mit hoher Schwermetall-Konzentration wachsen zu können, der *Arabidopsis halleri*, identifizierten die Forscher beispielsweise eine Variation in den Genen, die metallbindende Proteine verschlüsseln, was auf Selektion hinweist. Anhand dieser Gene lässt sich nun die Anhäufung von Schwermetallen in dieser Art weiter untersuchen. In der *Arabidopsis lyrata*, der Art mit der nördlichsten Verbreitung, wurden neuartige Varianten in Genen gefunden, die mit dem

Tagesrhythmus der Pflanze zu tun haben – höchstwahrscheinlich wegen der drastischen Unterschiede in der Tageslänge im hohen Norden.

Laut der Hauptautorin, Polina Novikova, „bringt diese Arbeit den Einsatz von Arabidopsis als Studienmodell für Artenentwicklung und Evolution grundlegend voran. Zukünftige Pläne sehen unter anderem Untersuchungen vor, wie Gene über die Arten verteilt wurden: Waren dies rein zufällige Ereignisse oder wurden dadurch wichtige Beiträge zur Fähigkeit dieser Pflanzen geleistet, sich an bestimmte Umgebungen anzupassen.“

Über das GMI

Das Gregor Mendel Institut für Molekulare Pflanzenbiologie (GMI) wurde von der Österreichischen Akademie der Wissenschaften (ÖAW) im Jahr 2000 gegründet, um Spitzenforschung in der molekularen Pflanzenbiologie zu fördern. Das GMI gehört zu den weltweit wichtigsten Pflanzenforschungseinrichtungen. Mit mehr als 100 MitarbeiterInnen aus 25 Ländern erforscht das GMI primär die Grundlagen der Pflanzenbiologie, vor allem molekulargenetische Aspekte wie epigenetische Mechanismen, Populationsgenetik, Chromosomenbiologie, Stressresistenz und Entwicklungsbiologie. Das GMI befindet sich in einem modernen Laborgebäude der Österreichischen Akademie der Wissenschaften auf dem Campus des Vienna Biocenter, auf dem mehrere Forschungsinstitute sowie Biotechnologie-Firmen angesiedelt sind.

DOI der Publikation:10.1038/ng.3617

Für weitere Informationen wenden Sie sich bitte an:

Gregor Mendel Institut

Barbara Weigel

barbara.weigel@gmi.oeaw.ac.at

+43 1 79044 9000

floorfour LifeScience PR

www.floorfour.at

Mehrdokht Tesar

tesar@floorfour.at

+43-699-171 31 621

Thomas Kvicala

kvicala@floorfour.at

+43-660-444 00 47