

## Neues Werkzeug zur Entschlüsselung der Evolutionsbiologie

(Wien, 09-05-2017) Eine Forschungsgruppe der Max F. Perutz Laboratories, einem Joint Venture der Universität Wien und der Medizinischen Universität Wien, hat gemeinsam mit anderen WissenschaftlerInnen aus Australien und Kanada ein neues bioinformatisches Werkzeug zum Vergleich von Genomdaten entwickelt. Das Programm „ModelFinder“ verwendet einen schnellen Algorithmus, der bisher nicht verfügbare Einsichten in die Evolution gibt. Die Ergebnisse wurden aktuell in Nature Methods veröffentlicht.

Die Evolution zu verstehen, ist ein Grundpfeiler der Biologie – tatsächlich ist Evolution die einzige Erklärung für die Vielfalt der Lebensformen auf unserem Planeten.

Anhand der Evolution von Proteinen kann erklärt werden, wie neue Spezies und Funktionen durch genetische Veränderungen entstehen konnten, wie Enzyme mit neuen Funktionen hergestellt werden können, oder auch wie ähnlich menschliche Genome zu jenen ihrer engsten Verwandten wie Gorillas oder Bonobos sind.

Sehr beliebte Tools sind bioinformatische Werkzeuge (computergestützte Methoden), mit denen sich Genomdaten vergleichen lassen. So können WissenschaftlerInnen spezifische Proteine vergleichen, die durch Kombinationen von zwanzig universellen Bausteinen – den Aminosäuren – gebildet werden.

Bis jetzt haben bioinformatische Werkzeuge für die Erforschung der Evolution von einzelnen Proteinen angenommen, dass die Geschwindigkeit, mit denen unterschiedliche Regionen von Proteinen evolvieren, durch eine statistische Verteilung, deren Form durch eine einzige Variable bestimmt wird, modelliert werden kann.

„Diese Annahme reflektiert allerdings nicht die Realität. Sie könnte zu einer großen Zahl von verzerrten phylogenetischen Resultaten geführt haben, die über die letzten beiden Jahrzehnte publiziert wurden“, fasst Minh Quang Bui, Co-Autor der Studie vom Center for Integrative Bioinformatics Vienna (CIBIV), die Grenzen der modernen Methoden zusammen.

### Neuer Algorithmus gibt Einsichten in die Proteinevolution

Arndt von Haeseler, Gruppenleiter an den Max F. Perutz Laboratories (MFPL), und Lars Jermiin von der Australian National University konnten nun einen neuen Weg finden, um diese unterschiedlichen Evolutionsraten in bioinformatische Modelle miteinzubeziehen.

In der Fachwelt war es wohlbekannt, dass die gängige Methode die Komplexität der Proteinevolution möglicherweise nicht fassen könnte. Der Rechenaufwand von realistischeren Modellen war allerdings inakzeptabel hoch. „Wir haben nun einen schnellen Algorithmus



entwickelt, der uns bis dato nicht verfügbare Einsichten in die Proteinevolution gibt – das neue Tool wird wahrscheinlich einen sehr großen Einfluss auf viele andere Forschungsgebiete haben, wie zum Beispiel auf die Evolution von Pathogenen und die Verbreitung von Agrarschädlingen“, sagt Lars Jermiin.

Das neue Programm „ModelFinder“ wird deutlich exaktere Schätzungen von evolutionären Prozessen ermöglichen. Das verbesserte Verständnis der Evolution hilft, jene Mechanismen, die für die große Diversität auf unserem Planeten verantwortlich sind, weiter zu enträtseln.

### **Service: Nature Methods**

“ModelFinder: Fast Model Selection for Accurate Phylogenetic Estimates”. Subha Kalyanamoothy, Bui Quang Minh, Thomas KF Wong, Arndt von Haeseler, Lars S Jermiin.  
DOI:10.1038/NMETH.4285 (published online 8. Mai 2017)

### **Rückfragen bitte an:**

Mag. Johannes Angerer  
**Medizinische Universität Wien**  
**Leiter Kommunikation und**  
**Öffentlichkeitsarbeit**  
Tel.: 01/ 40 160 11 501  
E-Mail: pr@meduniwien.ac.at  
Spitalgasse 23, 1090 Wien  
www.meduniwien.ac.at/pr

Caterina Purini, MSc  
**Max F. Perutz Laboratories**  
**Communications Manager**  
Tel.: 01/ 4277 240 14  
E-Mail: caterina.purini@mfpl.ac.at  
Vienna Biocenter (VBC)  
Dr.-Bohr-Gasse 9/6, 1030 Wien  
www.mfpl.ac.at

### **Max F. Perutz Laboratories (MFPL)**

Die Max F. Perutz Laboratories (MFPL) sind ein gemeinsames Forschungs- und Ausbildungszentrum der Universität Wien und der Medizinischen Universität Wien am Vienna Biocenter, einem der größten Life Sciences Cluster in Österreich. An den MFPL sind rund 500 MitarbeiterInnen aus 40 Nationen in durchschnittlich 60 Forschungsgruppen mit Grundlagenforschung und Lehre im Bereich der Molekularbiologie beschäftigt.

### **Medizinische Universität Wien – Kurzprofil**

Die Medizinische Universität Wien (kurz: MedUni Wien) ist eine der traditionsreichsten medizinischen Ausbildungs- und Forschungsstätten Europas. Mit rund 8.000 Studierenden ist sie heute die größte medizinische Ausbildungsstätte im deutschsprachigen Raum. Mit 5.500 MitarbeiterInnen, 27 Universitätskliniken und drei klinischen Instituten, 12 medizinteoretischen Zentren und zahlreichen hochspezialisierten Laboratorien zählt sie auch zu den bedeutendsten Spitzenforschungsinstitutionen Europas im biomedizinischen Bereich.