

Phylogenie der Prokaryoten basierend auf dem 16S rRNA Gen

Verfasser/innen: Carmen Rechsteiner
Gruppe DoB Liselotte Selter
Janine Vogel
Christian Winterflood
Antoine Buetti

Tutor Thomi Horath

Einleitung

In diesem Versuch wird gezeigt, wie Organismen anhand eines Ausschnitts ihrer Basensequenz identifiziert werden können. Dazu wird das Internetprogramm BLAST verwendet, welches die eingegebene Sequenz systematisch mit allen bereits gespeicherten vergleicht und die ähnlichsten zeigt. BLAST steht für Basic Local Alignment Search Tool.

Hintergrund

Die Klassifizierung von Organismen anhand ihrer Nukleotidsequenz bildet eine gute Alternative zur Klassifizierung anhand von phänotypischen Merkmalen. Besonders geeignet zur Konstruktion eines Stammbaums ist das 16S rRNA-Gen. Es ist in allen Organismen vorhanden und hat eine direkte Funktion. Deshalb enthält es nie stille Mutationen welche das Bild verfälschen könnten, da sich diese direkt negativ auf die Funktion auswirken würden.

Die rRNA ist in allen Organismen für die Struktur der Ribosomen und damit für die Funktion der Proteinsynthese zuständig. Einige Abschnitte der 16S rRNA sind bei allen Organismen identisch, andere können sich stark unterscheiden, da sich ihre spontanen Mutationen nicht negativ auf die Funktion auswirken.

Ein weiterer Grund, weshalb man das 16S rRNA-Gen verwendet, ist seine kurze Sequenz (1300-1600 Basen). Es kann ohne allzu grossen Aufwand sequenziert werden. Das Verhältnis zwischen verschiedenen Basen von zwei gleichlangen Sequenzen zu allen Basen der Sequenz, gibt die evolutionäre Distanz an. Anhand dieser kann man Stammbäume konstruieren.

Vorgehen

Man gibt die zu vergleichende Sequenz im Programm ein und startet die Suche. Das Programm vergleicht die Sequenz mit allen anderen in der Datenbank. Es liefert eine Liste, in welcher das ähnlichste zuoberst steht. Die Übereinstimmung der Basen wird jeweils in Prozent angegeben.

Ergebnis

Die Sequenz Nr. 1 aus den Aufgaben stammt aus dem 16S rRNA-Gen von *Chromatium okenii*, die Nr. 2 aus demjenigen des menschlichen Mitochondriums.