

Phylogenie von Prokaryoten

VerfasserInnen: Marietta Paul marietta.paul@dinomail.com, Pia Schuetz giraffe13@bluewin.ch,
Fabienne Sutter hallofabienne@hotmail.com, Maya Grimm m.grimm@bluewin.ch,
Ralph Dobler DoVi@access.unizh.ch
Betreuer: Thomi Horath horath@botinst.unizh.ch

Einleitung

Bei Versuch 13 ging es um die Benutzung eines Internetprogrammes zur systematischen Bestimmung von Mikroorganismen anhand ihrer 16S rRNA-Gen-Basensequenz. Mit Hilfe des Programmes BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) können nächstverwandte Organismen gefunden werden.

Klassifizierung von Bakterien

Früher wurden Bakterien nach Form, Begeißelung oder Metabolismus, etc. klassifiziert (phänotypisch). Seit man die Methode mit dem Vergleichen der 16S-rRNA-Sequenzen entwickelt hat, besteht nun die Möglichkeit, zusätzlich zur phänotypischen Charakterisierung auch eine genotypische vorzunehmen.

Wieso gerade rRNA-Gene?

Da die rRNA in allen Organismen vorkommt und sowohl aus konservierten wie auch variablen Teilstücken besteht, ist es naheliegend, sie als Basis zum Vergleich und Erkennen verschiedener bekannter und unbekannter Organismen herbei zu ziehen. Auch ist die 16S / 18S rRNA eine noch relativ kleine Einheit, deren Sequenzierung nicht allzu viel Zeit und Geld benötigt.

Der Versuch

Vier verschiedene 16S rRNA-Gen-Basensequenzen wurden uns vorgegeben. Unsere Aufgabe bestand darin, herauszufinden zu welchen Organismen die Sequenzen passen. Wir kopierten die Sequenzen aus der Anleitung und fügten sie ins Suchprogramm BLAST ein. Nach kürzester Zeit lieferte das Programm eine ganze Liste möglicher Organismen, immer mit Prozentangabe der Übereinstimmung der Sequenzen. So fanden wir die vier folgenden Organismen:

Sequenz 1: *Chromatium okenii*, Sequenz 2: *Rhodoplanes rosens*, Sequenz 3: Mitochondrium aus menschlicher Gewebezelle und Sequenz 4: *Escherichia coli*.

Fazit

Hat man einmal das 16S-rRNA-Gen eines Organismus' sequenziert, so kann man via Internet seine phylogenetische Stellung schnell herausfinden. Kürzlich sind allerdings auch Organismen mit mehreren verschiedenen 16S rRNA-Genen aufgetaucht. Auch die 16S rRNA-Gen-Basensequenz kann nicht als die ein und alles Methode zur phylogenetischen Einordnung eines Organismus' betrachtet werden. Erst das Kombinieren verschiedener Charakteristika eines Organismus', phänotypische und genotypische, bringt im Zweifelsfall Klarheit. Auch gibt es verschiedene Datenbanken, welche manchmal unterschiedliche Suchergebnisse liefern. Dies kann auf verschiedenartigen Suchroutinen oder -kriterien beruhen oder sogar auf unterschiedliche Inhalte zurückzuführen sein. Auf jeden Fall lohnt es sich, bei der Suche nach einer Identifizierung, verschiedene Datenbanken zu konsultieren.