

Phylogenie der Prokaryoten basierend auf dem 16S rRNA Gen

Verfasser/innen: Sarah Ravaioli sahravaioli@hotmail.com
Gruppe DiB Janine Brunner janinebrunner@gmx.net
Silvan Gegenschatz silversilvan@freesurf.ch

Tutor: Thomi Horath

Einleitung

In diesem Versuch lernte man ein Internetprogramm kennen, mit dem man Mikroorganismen anhand ihrer 16S rRNA-Gen-Basensequenz systematisch bestimmen kann. Dieses Programm nennt man BLAST: Basic Local Alignment Search Tool.

Hintergrund

Früher konnten Mikroorganismen nur anhand von phänotypischen Merkmalen klassifiziert werden, z.B. durch ihre Form, ihre Membranstruktur oder den Bau der Zellwand, durch ihre physiologischen Fähigkeiten oder durch ihr Verhalten (chemotaktisch, phototaktisch). Heute lassen sich Prokaryoten auch durch den Vergleich von Nukleotidsequenzen bestimmen. Dabei eignet sich das 16S/18S rRNA Gen besonders gut. Eukaryoten wie Prokaryoten haben diesen rDNA-Abschnitt und sein Transkript hat in allen Organismen die gleiche Funktion. Die ribosomale RNA ist notwendig für die Struktur der Ribosomen und damit für die Proteinsynthese und spielte deshalb schon seit der Entstehung des Lebens eine wichtige Rolle. Die 16S rRNA ist eine verhältnismässig kleine Einheit, die nicht so viel Aufwand braucht, sequenziert zu werden wie die längere 23S rRNA. Sie wird heute benutzt, um evolutive Veränderungen und Verwandtschaftsverhältnisse zu erkennen. Dies ist möglich, da sich gewisse Sequenzabschnitte innerhalb der 16S rRNA von verschiedenen Organismengruppen stark unterscheiden, andere Abschnitte hingegen von Organismus zu Organismus identisch sind.

Vorgehen

Mit dem Programm lassen sich Sequenzen mit denjenigen der Datenbank vergleichen. Das Programm liefert eine Liste von möglichen Organismen, wobei die Übereinstimmung der Sequenzen in Prozenten angegeben wird.

Resultat

Die Sequenz Nr.1 (siehe Kursanleitung) stimmt überein mit der 16S rDNA von *Chromatium okenii*, Nr.2 mit der 16S rDNA des menschlichen Mitochondriums.