

## Pressemitteilung

### Wissenschaftler des Leibniz-Instituts DSMZ entwickeln bioinformatische Plattform für die genombasierte taxonomische Klassifikation von Bakterien und Archaeen

*Dr. Jan P. Meier-Kolthoff und Priv.-Doz. Dr. Markus Göker entwickeln Typstamm-Genomserver (TYGS)*

(Braunschweig – 21. Mai 2019): In der aktuellen Ausgabe der international renommierten Fachzeitschrift **Nature Communications** publizieren Doktor Jan P. Meier-Kolthoff und Privatdozent Dr. Markus Göker von der Abteilung für Bioinformatik des Leibniz-Instituts DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen unter dem Titel „**TYGS is an automated high-throughput platform for state-of-the-art genome-based taxonomy**“ ihren Beitrag über den neuen **Typstamm-Genomserver TYGS**. Der Type (Strain) Genome Server (TYGS: <https://tygs.dsmz.de>) ist eine von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern der DSMZ entwickelte bioinformatische Plattform für die genombasierte taxonomische Klassifikation von Bakterien und Archaeen.

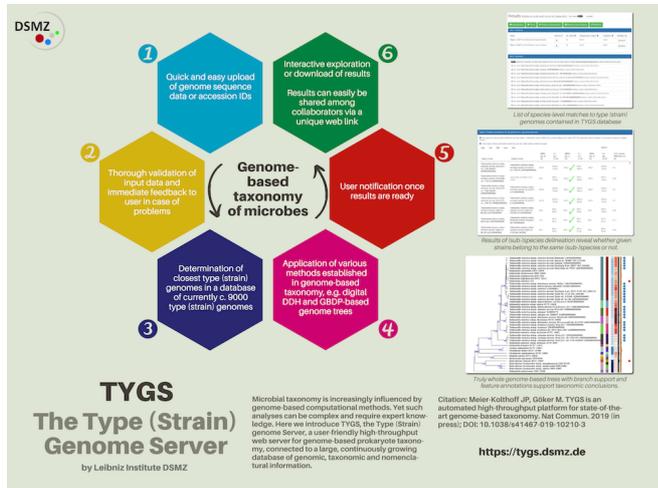
Basis des TYGS ist eine wöchentlich aktualisierte Datenbank, die umfassende Informationen zur Taxonomie sowie Nomenklatur mit bereits fast 9.000 mikrobiellen Typstammgenom-Sequenzen und praktisch allen Typstamm-16S-Sequenzen verknüpft. Der Type (Strain) Genome Server ermittelt in einem Hochdurchsatzverfahren automatisch die zu einer bis mehreren nutzerdefinierten Genomsequenzen am nächsten verwandten Typstamm-Genomsequenzen und berechnet daraus unter anderem einen echten genombasierten Stammbaum, eine Einteilung in Arten und Unterarten mittels digitaler DNA:DNA-Hybridisierung und sämtliche Unterschiede im genomischen G+C-Gehalt. Dabei setzt der TYGS auf eine Reihe von in der Wissenschaft etablierten und häufig zitierten Methoden wie den Genome-to-Genome Distance Calculator (GGDC) oder das phylogenetische Verfahren Genome BLAST Distance Phylogeny (GBDP).

Als Ergebnis erhält der Nutzer einen speziellen Weblink auf eine interaktive Website des TYGS-Servers, die alle relevanten Informationen in Form von Tabellen, publikationsreifen und modifizierbaren Abbildungen, Referenzen zur taxonomischen Literatur sowie fertige Methoden- und Ergebnistexte beinhaltet. Diese Daten können nicht nur direkt in mikrobiologische Studien und Publikationen integriert werden, sondern über den Weblink auch einfach zwischen Kooperationspartnern ausgetauscht werden. Würde das phylogenetische Umfeld wahrscheinlich noch nicht genomsequenzierte Typstämme enthalten, könnte der Nutzer mit Hilfe des TYGS von diesem Ergebnis ausgehend bequem eine umfassendere Stammbaumanalyse der Sequenzen des 16S rRNA-Gens anfordern.

#### Originalpublikation:

Meier-Kolthoff JP, Göker M. TYGS is an automated high-throughput platform for state-of-the-art genome-based taxonomy. *Nat Commun.* 2019;10: 2182. doi:10.1038/s41467-019-10210-3

# Pressemitteilung



Infografik Type (Strain) Genome Server  
Quelle: DSMZ



Dr. Jan Meier-Kolthoff  
Quelle: privat

## DSMZ-Presskontakt:

Sven-David Müller, Pressesprecher des Leibniz-Instituts DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH  
Tel.: 0531/2616-300  
E-Mail: [sven.david.mueller@dsmz.de](mailto:sven.david.mueller@dsmz.de)

## Pressemitteilung

### Über das Leibniz-Institut DSMZ

Das Leibniz-Institut DSMZ – Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH ist die weltweit vielfältigste Sammlung für biologische Ressourcen (Bakterien, Archaea, Protisten, Hefen, Pilze, Bakteriophagen, Pflanzenviren, genomische bakterielle DNA sowie menschliche und tierische Zellkulturen). An der DSMZ werden Mikroorganismen sowie Zellkulturen gesammelt, erforscht und archiviert. Als Einrichtung der Leibniz-Gemeinschaft ist die DSMZ mit ihren umfangreichen wissenschaftlichen Services und biologischen Ressourcen seit 1969 globaler Partner für Forschung, Wissenschaft und Industrie. Die DSMZ ist als gemeinnützig anerkannt, die erste registrierte Sammlung Europas (Verordnung (EU) Nr. 511/2014) und nach Qualitätsstandard ISO 9001:2015 zertifiziert. Als Patenthinterlegungsstelle bietet sie die bundesweit einzige Möglichkeit, biologisches Material nach den Anforderungen des Budapester Vertrags zu hinterlegen. Neben dem wissenschaftlichen Service bildet die Forschung das zweite Standbein der DSMZ. Das Institut mit Sitz auf dem Science Campus Braunschweig-Süd beherbergt mehr als 69.701 Kulturen sowie Biomaterialien und hat 198 Mitarbeiter. [www.dsmz.de](http://www.dsmz.de)

### Über die Leibniz-Gemeinschaft

Die Leibniz-Gemeinschaft verbindet 95 selbständige Forschungseinrichtungen. Ihre Ausrichtung reicht von den Natur-, Ingenieur- und Umweltwissenschaften über die Wirtschafts-, Raum- und Sozialwissenschaften bis zu den Geisteswissenschaften. Leibniz-Institute widmen sich gesellschaftlich, ökonomisch und ökologisch relevanten Fragen. Sie betreiben erkenntnis- und anwendungsorientierte Forschung, auch in den übergreifenden Leibniz-Forschungsverbänden, sind oder unterhalten wissenschaftliche Infrastrukturen und bieten forschungsbasierte Dienstleistungen an. Die Leibniz-Gemeinschaft setzt Schwerpunkte im Wissenstransfer, vor allem mit den Leibniz-Forschungsmuseen. Sie berät und informiert Politik, Wissenschaft, Wirtschaft und Öffentlichkeit. Leibniz-Einrichtungen pflegen enge Kooperationen mit den Hochschulen - u.a. in Form der Leibniz-WissenschaftsCampi, mit der Industrie und anderen Partnern im In- und Ausland. Sie unterliegen einem transparenten und unabhängigen Begutachtungsverfahren. Aufgrund ihrer gesamtstaatlichen Bedeutung fördern Bund und Länder die Institute der Leibniz-Gemeinschaft gemeinsam. Die Leibniz-Institute beschäftigen rund 19.100 Personen, darunter 9.900 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler. Der Gesamtetat der Institute liegt bei mehr als 1,9 Milliarden Euro. [www.leibniz-gemeinschaft.de](http://www.leibniz-gemeinschaft.de)