

Pressemitteilung**Deutsches Primatenzentrum GmbH - Leibniz-Institut für Primatenforschung****Dr. Susanne Diederich**

02.06.2023

<http://idw-online.de/de/news815410>Forschungsergebnisse, Forschungsprojekte
Biologie, Tier / Land / Forst, Umwelt / Ökologie
überregional**Genome von 233 Primatenarten entschlüsselt****Neue Erkenntnisse über die genetische Diversität und Evolution unserer nächsten Verwandten sowie über die genetischen Ursachen menschlicher Krankheiten**

Forschende aus 24 Ländern haben die Genome von 809 Affen aus 233 Arten analysiert und damit den bisher vollständigsten Katalog genomischer Informationen über unsere nächsten Verwandten erstellt. Das Projekt, das aus einer Serie von Einzelstudien besteht und an denen auch Forschende des Deutschen Primatenzentrums – Leibniz-Institut für Primatenforschung (DPZ) beteiligt waren, liefert neue Erkenntnisse zur Evolution der Primaten, einschließlich des Menschen, sowie zu deren Artenvielfalt. So hat sich bei Pavianen gezeigt, dass in mehreren Regionen ihres Verbreitungsgebietes Hybridisierung und Genfluss zwischen verschiedenen Arten stattfand und heute noch stattfindet und dass Paviane ein gutes Modell für die Evolution frühmenschlicher Linien innerhalb und außerhalb Afrikas sind. Außerdem ermöglichen die Genomdaten mit Hilfe eines speziell entwickelten KI-Algorithmus, neue Erkenntnisse über die genetischen Ursachen menschlicher Krankheiten zu gewinnen (Sonderausgabe Science).

Primaten zeigen eine große genetische Vielfalt, die zwischen Arten und geografischen Regionen variiert. „Die Erforschung dieser Vielfalt ist von entscheidender Bedeutung auch für das Verständnis der menschlichen Evolution, den Ursprung menschlicher Krankheiten und für den Schutz unserer nächsten Verwandten“, sagt Christian Roos, Wissenschaftler in der Abteilung Primatengenetik am Deutschen Primatenzentrum und einer der Autoren. Unter der Leitung von Forschenden der Universität Pompeu Fabra, Spanien, des Baylor College of Medicine, USA, und der Firma Illumina Inc., USA, wurden die Genome von 809 Individuen von 233 Primatenarten sequenziert. Dies deckt fast die Hälfte aller existierenden Primatenarten ab und erhöht die Anzahl der verfügbaren Primatengenome um das Vierfache.

Neue Erkenntnisse zur Evolution von Primaten und zur Sonderstellung des Menschen

Die vergleichenden Analysen liefern grundlegende Informationen zur genetischen Vielfalt und Evolutionsgeschichte von Primaten und wichtige Erkenntnisse darüber, was uns Menschen von den anderen Primaten unterscheidet. Die Genomdaten haben die Zahl der genomischen Varianten, von denen man annahm, sie kommen ausschließlich im Menschen vor, halbiert. „Dies macht die Suche nach Mutationen leichter, die wir nicht mit anderen Primaten teilen, und die daher Grundlage für die Merkmale sein könnten, die uns zu Menschen machen“, sagt Dietmar Zinner, Wissenschaftler in der Abteilung Kognitive Ethologie am Deutschen Primatenzentrum.

Eine der Studien befasst sich eingehender mit der Evolution der Paviane und findet, dass es mehrere, bisher unbekannte Episoden von Hybridisierung und Genfluss zwischen Pavianarten gegeben hat. „Wir haben herausgefunden, dass Paviane aus West-Tansania die ersten nichtmenschlichen Primaten sind, die aus drei genetischen Vorläuferlinien (Arten) hervorgegangen sind“, sagt Liye Zhang, Promovierender am Deutschen Primatenzentrum und einer der Erstautoren dieser Pavianstudie. „Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass die genetische Struktur der Pavianpopulation und ihre Geschichte des Genaustauschs zwischen Arten komplexer ist als bisher angenommen und zeigen, dass Paviane ein gutes Modell für ähnliche Prozesse in der Evolution früh-menschlicher Linien in und außerhalb Afrikas sind“, sagt Dietmar Zinner.

Artenschutz mit Hilfe von Genomdaten

Eine hohe genetische Diversität ermöglicht es Arten sich besser an sich verändernde Umweltbedingungen und Krankheitserreger anzupassen. Insbesondere bei kleinen Populationen ist die Gefahr von Inzucht und damit einer Verminderung der genetischen Diversität gegeben. Die Analyse der Diversität gibt daher Aufschluss, welche Arten zumindest aus genetischer Sicht am dringendsten geschützt werden müssen. Bereits jetzt sind 63 Prozent aller Primatenarten vom Aussterben bedroht. „Besonders niedrige genetische Diversität fanden wir bei den Goldstumpfnasenen Chinas und beim Fingertier in Madagaskar“, sagt Christian Roos.

Seltene Mutationen können das Krankheitsrisiko erhöhen

Eine der Grenzen in der Human- und klinischen Genetik besteht darin, dass es derzeit nicht möglich ist, unter Hunderttausenden von Mutationen diejenigen zu erkennen, die Krankheiten verursachen. Gegenwärtig sind die genetischen Ursachen vieler Volkskrankheiten wie Diabetes und Herzerkrankungen unbekannt, was entweder auf fehlende genetische Informationen oder auf die große Zahl der beteiligten genetischen und anderen Faktoren zurückzuführen ist. Durch den Vergleich der Primaten-Genome konnten nun 4,3 Millionen Mutationen identifiziert werden, die möglicherweise die Funktion von Proteinen verändern und somit zu Krankheiten beim Menschen führen können. Sechs Prozent der 4,3 Millionen identifizierten Mutationen kommen bei Primaten häufig vor und werden daher als potenziell für wenig ausschlaggebend für menschliche Krankheiten angesehen, da sie bei diesen Tieren toleriert werden. Dank des von der Firma Illumina Inc. entwickelten Deep-Learning-Algorithmus PrimateAI-3D können krankheitsverursachende Mutationen nun identifiziert werden. „Es handelt sich um eine Art ChatGPT für die Genetik, das Genomsequenzen anstelle menschlicher Sprache verwendet“, erklärt Kyle Farh, Vize-Direktor der KI-Gruppe bei Illumina Inc., dem weltweit führenden Unternehmen im Bereich DNA-Sequenzierung.

wissenschaftliche Ansprechpartner:

Prof. Dr. Christian Roos Tel.: +49 (0)551 3851-300 oder +49 (0)171 7644231 E-Mail: croos@dpz.eu

Dr. Dietmar Zinner Tel.: +49 (0)551 3851-129 oder +49 (0)151 55389694 E-Mail: dzinner@dpz.eu

Originalpublikation:

- Kuderna, LFK, et al.: A global catalog of whole-genome diversity from 233 primate species. Science. May, 2023. <https://doi.org/10.1126/science.abn7829>
- Sørensen, E, et al.: Genome-wide coancestry reveals details of ancient and recent male-driven reticulation in baboons. Science. May 2023. <https://doi.org/10.1126/science.abn8153>
- Gao, H, et al.: The landscape of tolerated genetic variation in humans and primates. Science. May 2023. <https://doi.org/10.1126/science.abn8197>
- Wu, H, et al.: Hybrid origin of a primate, the gray snub-nosed monkey. Science. May 2023. <https://doi.org/10.1126/science.abl4997>

URL zur Pressemitteilung:

<https://www.dpz.eu/de/startseite/einzelansicht/news/genome-von-233-primatenarten-entschluesselt.html>

Anhang Pressemitteilung als PDF-Datei <http://idw-online.de/de/attachment98742>



Mantelpavian (*Papio hamadryas*) im Hochland Eritreas.
Dietmar Zinner
Dietmar Zinner/DPZ



Anubispavian (*Papio anubis*) im Lake Manyara Nationalpark, Tansania.
Dietmar Zinner
Dietmar Zinner/DPZ