

Press release**Veterinärmedizinische Universität Wien****Mag.rer.nat. Georg Mair**

01/30/2019

<http://idw-online.de/en/news709736>Research results, Scientific Publications
Biology, Environment / ecology, Social studies, Zoology / agricultural and forest sciences
transregional, national**Paviane eröffnen neue Einblicke in die Evolution des Genoms****Ein Forschungsteam der Vetmeduni Vienna untersuchte die evolutionäre Diversifizierung am Beispiel von sechs Pavian-Arten. Die Ergebnisse der Studie liefern neue spannende Einblicke in die Entwicklung des Genoms – auch in das des Menschen.**

Kürzlich durchgeführte Studien legen nahe, dass eng verwandte Arten trotz fortlaufenden Genflusses im Zuge ihrer Entwicklung erhebliche genetische und phänotypische Unterschiede entwickeln können – was traditionelle Vorstellungen hinsichtlich der genetischen Artenbildung in Frage stellt.

Eine aktuelle Studie der Vetmeduni Vienna, die vom Wiener Wissenschafts-, Forschungs- und Technologiefonds (WWTF) gefördert wurde, und kürzlich in „Science Advances“ erschien, untersuchte nun die genomische Diversifizierung von sechs Pavian-Arten. Dabei fand das internationale Forschungsteam Beweise für die Hybridisierung sowohl früherer als auch jüngster Generationen bei unterschiedlichen Arten. Diese Ergebnisse helfen dabei, ähnliche Fälle zu verstehen, darunter auch die komplexe Diversifizierung und genetische Beimischung beim modernen Menschen und unserer ausgestorbenen Verwandten wie den Neandertalern, Denisova-Menschen sowie anderen Hominini (= ausgestorbene Vorfahren des Menschen).

Evolutionäre Anpassung begann vor 1,5 Millionen Jahren genau wie beim Menschen

Wie unsere eigene Gattung Homo begann sich der Stammesbestand der Papio-Paviane vor ca. 1,5 Millionen Jahren in mehrere Abstammungslinien (phylogenetische Arten) innerhalb Afrikas südlich der Sahara zu teilen. Heute handelt es sich bei Pavianen (Gattung Papio) um große, geographisch weit verbreitete Altweltaffen, die – im Gegensatz zum Homo – aus sechs leicht unterscheidbaren Arten bestehen und sich in freier Wildbahn untereinander paaren (sogenannte Hybridisierung). Wie der frühe Homo unterscheiden sich Pavian-Arten unter anderem in Körpergröße, Morphologie und Verhalten.

Die Forscherinnen und Forscher konnten in ihrer Studie nachweisen, dass mehrere Pavian-Linien Episoden einer Beimischung erlebt haben, von denen einige einen genetischen Austausch zwischen den Abstammungslinien aufweisen, die bis heute Bestand haben, während es sich bei anderen um ausgestorbene Linien handelt. Diese Vielfalt bietet die Möglichkeit, die genomischen, morphologischen und verhaltensspezifischen Aspekte einer evolutionären Anpassung anhand eines weitgehend erfolgreichen und anpassungsfähigen Primaten zu untersuchen.

Neue Einblicke in die Evolution des Genoms

Carolin Kosiol vom Institut für Populationsgenetik der Vetmeduni Vienna/University of St Andrews erklärt, wie das internationale Forschungsteam vorging: „Wir erstellten eine Referenzgenom-Baugruppe für die Pavianart ‚Papio anubis‘ und Sequenzdaten für das gesamte Genom für alle sechs vorhandenen Spezies. In einem weiteren Schritt dokumentierten wir mehrere Episoden der Beimischung und Introgression während der Ausbreitung der Papio-Paviane und konnten damit ihren Wert als Modell für komplexe evolutionäre Diversifizierung und Hybridisierung demonstrieren. Dadurch eröffnen sich neue Einblicke in die Cladogenese im Allgemeinen und die Art, Geschwindigkeit und Folgen der

genomischen Evolution im Besonderen. Hierbei waren insbesondere neue genomweite Computerprogramme hilfreich, die mein ehemaliger Doktorand Dominik Schrempf entwickelt hat.“ Im Rahmen der Studie wurden sowohl in freier Wildbahn als auch in Gefangenschaft lebende Paviane untersucht.

Keine signifikanten Barrieren für die Hybridisierung

Bei der untersuchten Hybridisierung konnten keine wesentlichen Reproduktionsbarrieren nachgewiesen werden. Sogar dramatische Unterschiede in den Sozialsystemen hindern unterschiedliche Arten in freier Wildbahn nicht an der Hybridisierung. Dieser Nachweis gelang für die beiden Arten Papio Anubis und Papio Hamadryas, die sich signifikant in ihrer sozialen Organisation und sozialen Struktur unterscheiden. Bei den Anubis-Pavianen sind sowohl Männer als auch Frauen polygam. Hamadryas-Gesellschaften sind hingegen mehrstufig, mit „Harem“-ähnlichen Ein-Mann-Zuchteinheiten (OMUs) als basale soziale Einheiten. Es gibt jedoch Evidenzen für den unterschiedlichen Erfolg von Paarungstypen und ein gewisses Maß an genetischer Inkompatibilität verschiedener Pavian-Arten.

Wichtiger Ansatzpunkt für weitere Forschungsarbeiten – auch mit Relevanz für den Menschen

Da Paviane im Gegensatz zum Menschen noch heute in Hybridzonen untersucht werden können, bilden sie einen wichtigen Ansatzpunkt für die zukünftige Forschung. Mögliche Untersuchungsbereiche sind beispielsweise die Auswirkungen der genetischen Variation auf die Neurotransmitterfunktion und ihre Auswirkungen auf die Unterschiede auf Artenebene in sozialen Beziehungen und sozialem Verhalten oder die Untersuchung der Auswirkungen einer zunehmenden genetischen Diversifizierung.

Über die Veterinärmedizinische Universität Wien

Die Veterinärmedizinische Universität Wien (Vetmeduni Vienna) ist eine der führenden veterinärmedizinischen, akademischen Bildungs- und Forschungsstätten Europas. Ihr Hauptaugenmerk gilt den Forschungsbereichen Tiergesundheit, Lebensmittelsicherheit, Tierhaltung und Tierschutz sowie den biomedizinischen Grundlagen. Die Vetmeduni Vienna beschäftigt 1.300 MitarbeiterInnen und bildet zurzeit 2.300 Studierende aus. Der Campus in Wien Floridsdorf verfügt über fünf Universitätskliniken und zahlreiche Forschungseinrichtungen. Zwei Forschungsinstitute am Wiener Wilhelminenberg, ein Lehr- und Forschungsgut in Niederösterreich (VetFarm) sowie das Wolfsforschungszentrum in Ernstbrunn (WSC) gehören ebenfalls zur Vetmeduni Vienna. Die Vetmeduni Vienna spielt in der globalen Top-Liga mit: 2018 belegt sie den exzellenten Platz 6 im weltweiten Shanghai-Hochschulranking im Fach „Veterinary Science“. www.vetmeduni.ac.at

Wissenschaftlicher Kontakt:

Carolin Kosiol, PhD
Institut für Populationsgenetik
Veterinärmedizinische Universität Wien (Vetmeduni Vienna)
T +43 1 25077-4331
carolin.kosiol@vetmeduni.ac.at

Aussender:

Mag.rer.nat. Georg Mair
Wissenschaftskommunikation / Öffentlichkeitsarbeit und Kommunikation
Veterinärmedizinische Universität Wien (Vetmeduni Vienna)
T +43 1 25077-1165
georg.mair@vetmeduni.ac.at

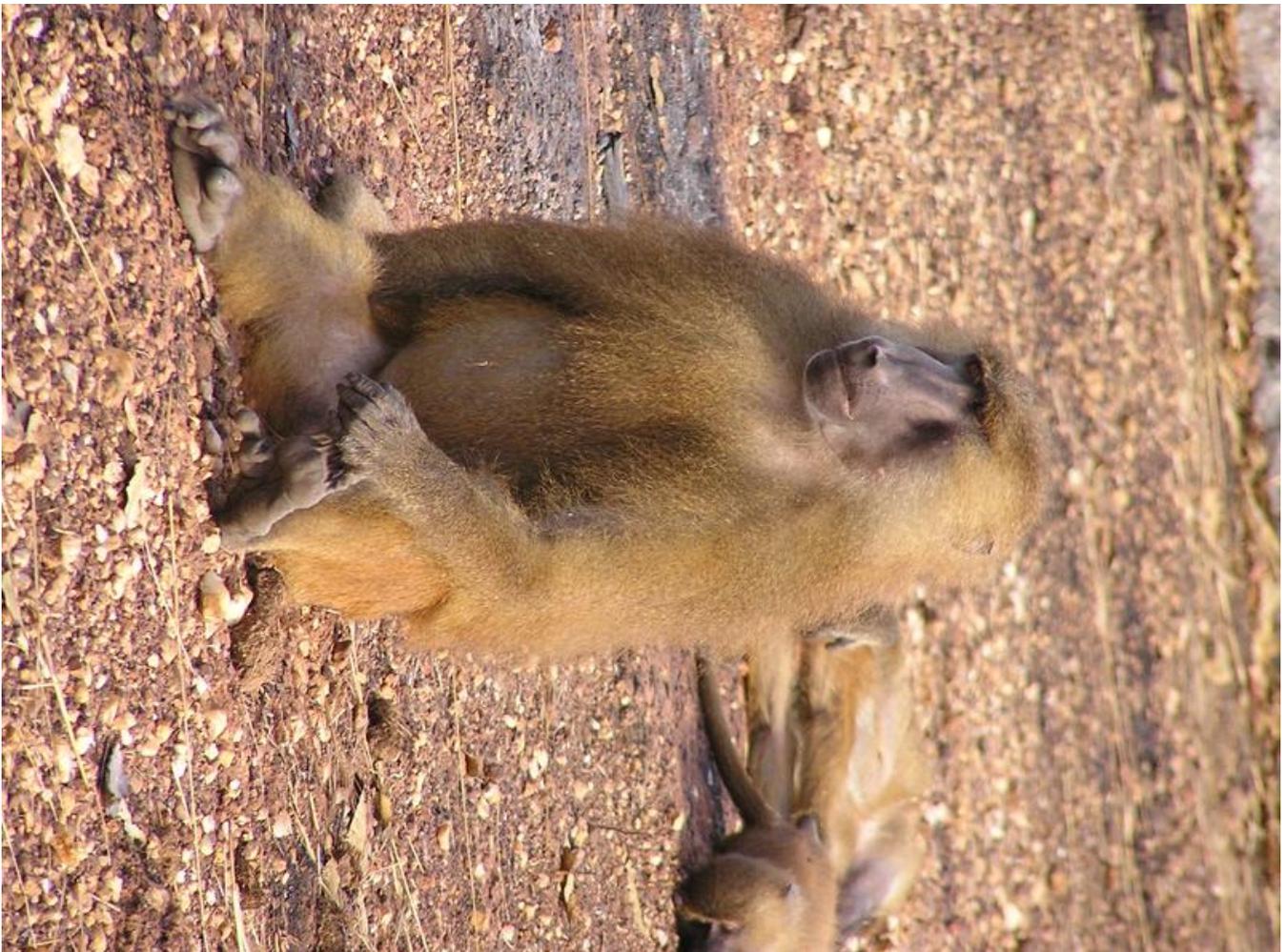
contact for scientific information:

Carolin Kosiol, PhD
Institut für Populationsgenetik
Veterinärmedizinische Universität Wien (Vetmeduni Vienna)
T +43 1 25077-4331
carolin.kosiol@vetmeduni.ac.at

Original publication:

Der Artikel „The comparative genomics and complex population history of Papio baboons“ von Jeffrey Rogers, et al. und dem „Baboon Genome Analysis Consortium“ wird in Science Advances veröffentlicht.

URL for press release: <https://www.vetmeduni.ac.at/de/infoservice/presseinformationen/presseinformationen-2019/einblick-genomentwicklung-durch-paviane/>



Die evolutionäre Diversifizierung des Pavian-Genoms brachte neue Einblicke auch in die humane Genomentwicklung.
Dr. Dietmar Zinner