

Pressedienst Wissenschaft

Garching, den 29. Oktober 2009

Neuer Zweig im Stammbaum der Bilateria:

Supercomputer erobern die Evolutionsbiologie

Tiere, deren Organismus symmetrisch aufgebaut ist, werden dem Stammbaum der Bilateria zugerechnet, auch der Mensch gehört dazu. Doch wie haben sich die einzelnen Tierarten aus ihren Urformen entwickelt? Bisher scheiterte die Berechnung von Stammbäumen aus Erbgutsequenzen an der dafür notwendigen Rechenleistung. Wissenschaftler der Technischen Universität München (TUM) haben nun Programme entwickelt, die Supercomputer in die Lage versetzen, diese Berechnungen durchzuführen. Nun können sie einen ersten großen Erfolg vorweisen.

Seit die Analyse von Erbgut durch moderne biochemische Methoden kostengünstig möglich ist, träumen Forscher davon, über den Vergleich von Erbgutsequenzen die evolutionäre Entwicklung von Tierarten rekonstruieren zu können. Bereits bessere Laborcomputer können Genanalysen durchführen. Doch für die Analyse ganzer Stammbäume ist ihre Rechenleistung zu gering. Im Rahmen einer internationalen Forschungskoooperation entwickelte eine Gruppe um Bioinformatiker Dr. Alexandros Stamatakis bestehende Software-Werkzeuge so weiter, dass die notwendigen Berechnungen nun auf Höchstleistungsrechnern durchgeführt werden können.

“Mit den in den Laboren verfügbaren Rechnern ist es nicht möglich, Stammbäume aus größeren Erbgutsequenzen zu berechnen, aber für Supercomputer waren die Rechenprogramme der Evolutionsbiologen nicht geeignet,“ erläutert Michael Ott, Doktorand im Team von Stamatakis. Höchstleistungsrechner wie der des Garchinger Leibniz-Rechenzentrums schöpfen ihre Rechenleistung aus einer Vielzahl parallel arbeitender Prozessoren. Stamatakis und sein Team erweiterten daher ein Analyseprogramm so, dass es die Rechenaufgaben nun auf viele Prozessoren verteilen und die Ergebnisse wieder zusammenfügen kann. Die TUM-Wissenschaftler haben damit ein Programm geschaffen, das Evolutionsbiologen auf der ganzen Welt frei zur Verfügung steht, um ihre Forschung voran zu treiben.

Als ersten Testkandidaten wählten Kollegen an der Brown University in Providence (USA) einen nur zwei Millimeter großen Wurm mit dem Namen *Acoelomorpha* aus. Seine evolutionären Wurzeln waren für die Wissenschaft bisher ein Rätsel. Am Ende der umfangreichen Analyse konnten die Forscher dem Wurm jedoch eine Heimat im Stammbaum der Tiere zuweisen – an der ersten Verzweigung innerhalb der Gruppe der Bilateria. „*Acoelomorpha* ist von uns so weit entfernt wie ein Tier der Bilateria es nur sein kann, aber es ist bilateral. Das konnten wir nun beweisen,“ sagt Professor Casey Dunn, Evolutionsbiologe der Brown University.

Zur Entwicklung ihres Programms nutzten Stamatakis und sein Team den Garchinger Höchstleistungsrechner. Die endgültige Rechnung für *Acoelomorpha* wurde auf einem BlueGene

Technische Universität München Corporate Communications Center 80290 München www.tum.de

Dr. Ulrich Marsch
Dr. Andreas Battenberg

Sprecher des Präsidenten
PR-Referent Campus Garching

+49.89.289.22779
+49.89.289.12890

marsch@zv.tum.de
battenberg@zv.tum.de

Rechner in den USA durchgeführt. Mit 2,25 Millionen Prozessorstunden war dies die aufwändigste je durchgeführte Stammbaumanalyse. Nun arbeiten die Wissenschaftler an noch umfangreicheren Berechnungen und der weiteren Optimierung der Software, so dass das große Ziel – Stammbaumanalysen mit vielen Organismen unter Verwendung kompletter Genome – immer näher rückt. Die Anwendung der Software ist dabei nicht auf den Stammbaum der Bilateria beschränkt, das Prinzip ist für alle Lebewesen anwendbar.

Auf deutscher Seite wurde das Projekt vom KONWIHR und von der DFG unterstützt. Die Rechnungen wurden im San Diego Supercomputing Center durchgeführt.

Originalpublikation:

Andreas Hejnal, Matthias Obst, Alexandros Stamatakis, Michael Ott, Greg W. Rouse, Gregory D. Edgecombe, Pedro Martinez, Jaume Baguña, Xavier Bailly, Ulf Jondelius, Matthias Wiens, Werner E. G. Müller, Elaine Seaver, Ward C. Wheeler, Mark Q. Martindale, Gonzalo Giribet and Casey W. Dunn

Assessing the root of bilaterian animals with scalable phylogenomic methods

Proceedings of the Royal Society B, Online, 16. September 2009

DOI: doi: 10.1098/rspb.2009.0896

<http://rspb.royalsocietypublishing.org/content/early/2009/09/15/rspb.2009.0896.abstract>

Kontakt:

Dr. Alexandros Stamatakis
Lehrstuhl für Bioinformatik (I 12)
Technische Universität München
Boltzmannstr. 3, 85748 Garching
Tel: +49 89 28919434, Fax: +49 89 28919414
E-Mail: stamatak@cs.tum.edu
Internet: <http://wwwkramer.in.tum.de/exelixis/>

Die **Technische Universität München (TUM)** ist mit rund 440 Professorinnen und Professoren, 6.500 Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern (einschließlich Klinikum rechts der Isar) und 24.000 Studierenden eine der führenden technischen Universitäten Europas. Ihre Schwerpunktfelder sind die Ingenieurwissenschaften, Naturwissenschaften, Lebenswissenschaften, Medizin und Wirtschaftswissenschaften. Nach zahlreichen Auszeichnungen wurde sie 2006 vom Wissenschaftsrat und der Deutschen Forschungsgemeinschaft zur Exzellenzuniversität gewählt. Das weltweite Netzwerk der TUM umfasst auch eine Dependence in Singapur. Die TUM ist dem Leitbild einer unternehmerischen Universität verpflichtet.

Technische Universität München Corporate Communications Center 80290 München www.tum.de

Dr. Ulrich Marsch
Dr. Andreas Battenberg

Sprecher des Präsidenten
PR-Referent Campus Garching

+49.89.289.22779
+49.89.289.12890

marsch@zv.tum.de
battenberg@zv.tum.de