



Die Evolution des Ribosoms

In den 1830er Jahren untersuchte Charles Darwin verschiedene Arten der Galapagos-Finken auf gemeinsame strukturelle Merkmale – eine Studie, die das Fundament für seine Theorie über den Ursprung und die Evolution der biologischen Spezies bildete. Heute, 170 Jahre später, können wir mit biochemischen und molekularbiologischen Methoden vergleichende Studien auf molekularer Ebene durchführen und so die Evolution von zellulären Spezies beschreiben. Neben der Primärsequenz der chromosomalen DNA als eigentlicher Erbinformationsträger kann hier auch die Entwicklung besonderer Strukturmerkmale in Biomakromolekülen der einzelnen Spezies, wie etwa dem Ribosom, zur Identifizierung und Erklärung evolutionärer Prozesse herangezogen werden.

In ihrer Website „The Comparative RNA Web“ stellen Gutell und Mitarbeiter einen sehr detaillierten Vergleich der Sequenzen und Strukturmodelle der sechs am intensivsten untersuchten Ribonukleinsäuren vor: 5S, 16S und 23S ribosomale RNA (rRNA), Transfer-RNA (tRNA) und Introns der Gruppen I und II. Nahezu alle veröffentlichten RNA-Sequenzen wurden in die umfangreiche Vergleichsdatenbank aufgenommen. So liegen den Vergleichen etwa 10000 Sequenzen 16S-artiger rRNA und 1000 Sequenzen 23S-artiger rRNA zugrunde, die alle umfassend mit grundlegenden Informationen über z. B. den Namen des Organismus oder den Eintrag in der NCBI-GenBank katalogisiert sind. Eine einheitliche Zählweise der Basen wurde für die einzelnen Moleküle eingeführt, die es unter anderem erlaubt, das Auftreten jedes Basenpaars statistisch genau auf verschie-

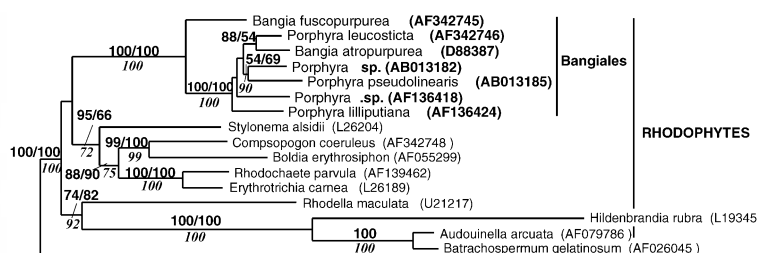


Abbildung 2. Phylogenetischer Baum verschiedener Spezies der Rotalgen (Rhodophyten).

denen phylogenetischen Ebenen zu erfassen. Mit Hilfe einer relationalen Datenbank kann man nach Sequenzhomologien sowie gemeinsamen Strukturelementen in verschiedenen Spezies suchen. Die für alle phylogenetischen Gruppen berechneten Strukturmodelle basieren dabei auf einem über mehrere Jahre hinweg entwickelten Kovariationsverfahren, das eingehend mit geschichtlicher Entwicklung beschrieben ist. Eine Vielzahl von Abbildungen im Postscript- und PDF-Format zeigen die Strukturmodelle mit ausgebildeten und allen möglichen Basenpaarungen, mit farbig codierten sekundären und tertiären Strukturelementen, sowie mit Markierungen für das Auftreten von Introns in den einzelnen phylogenetischen Gruppen. Ein Highlight sind die Diagramme, die den Konservierungsgrad einzelner Basen darstellen und damit ein Maß für die Wichtigkeit bestimmter Positionen für die Funktion der Makromoleküle beschreiben (Abbildung 1).

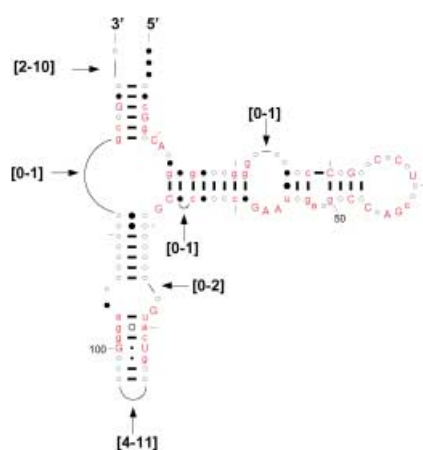


Abbildung 1. Typisches Strukturmodell der 5S-rRNA von Archaea: Durch Codierung mittels Großbuchstaben, Kleinbuchstaben, Punkten und Kreisen werden in Strukturdiagrammen verschiedene Grade der Konservierung von Basen veranschaulicht.

Einzelne Sequenzen und Strukturmodelle sind tabellarisch geordnet, können aber auch durch umfangreiche Suchmaschinen ermittelt werden. Zusätzlich zu den direkten Vergleichsmöglichkeiten sind auf der Website noch viele Materialien zugänglich, aus denen einige Publikationen der Arbeitsgruppe entstanden sind. So findet man etwa Arbeiten zum U-Turn-Motiv oder der speziellen Rolle von ungepaarten Adenosinbasen in rRNA, thermodynamische Studien zur 16S- und 23S-rRNA-Faltung, sowie einige phylogenetische Analysen (Abbildung 2).

Insgesamt enthält die Website eine Fülle an detaillierten Daten, die man zunächst nur schwer überblicken kann. Eine gute Einführung bietet die ausführliche Veröffentlichung zur Website,^[1] aber zu den meisten Unterpunkten der Vergleichsstudien gibt es auch kurze Erklärungen sowie ein ausgeklügeltes Hilfesystem zu fast allen Tabellen. Die Website bietet interessante Analysen für alle Wissenschaftler, die auf dem Gebiet der Nucleinsäuren tätig sind, von besonderem Interesse aber dürfte sie für Strukturbologen und Phylogenetiker sein.

Burkhard Luy

Technische Universität München (Germany)

- [1] J. J. Cannone, S. Subramanian, M. N. Schnare, J. R. Collett, L. M. D'Souza, Y. Du, B. Feng, N. Lin, L. V. Madabusi, K. M. Müller, N. Pande, Z. Shang, N. Yu, R. R. Gutell, „The comparative RNA web (CRW) site: an online database of comparative sequence and structure information for ribosomal, intron, and other RNAs“, *BMC Bioinformatics* **2002**, 3, 2.

Für weitere Informationen besuchen Sie:
<http://www.rna.icmb.utexas.edu>
 oder nehmen Sie Kontakt auf mit:
web@www.rna.icmb.utexas.edu