MA16-061 - Genome-wide Molecular Dating

Zusammenfassung

Seit fünfzig Jahren werden molekulare Daten als Dokumente der Evolutionsgeschichte verwendet. Der erste molekulare Stammbaum, der von Zukerkandl und Pauling (1965) veröffentlicht wurde, formulierte die Hypothese einer molekularen Uhr, wonach sich DNA mit einer konstanten Mutationsrate verändert. Trotzdem beschränkt sich molekulare Datierung bisher nur auf ein paar ausgewählte Gene und repräsentiert damit nur die Geschichte von weniger als einem Prozent des Genoms. In unserem Projekt werden wir Methoden entwickeln, die es ermöglichen, ganze Genome von mehreren Individuen pro Art für die Molekulare Datierung zu verwenden. Dabei werden wir nicht nur Informationen von Mutationen, sondern auch den Verlust, die Duplikation und den horizontalen Transfer von Genen in unseren Modellen berücksichtigen. Insbesondere interessieren wir uns für Beispiele in der Evolutionsgeschichte, die ein schnelles Auffächern in spezialisierte Arten in der Form einer Radiation aufweisen. Ein Beispiel einer solchen Evolutionsgeschichte ist die kambrische Radiation, auch kambrische Explosion genannt. Während der kambrischen Epoche tauchten viele Vertreter heutigen Tierstämme erstmals fast zeitgleich auf. Die grundlegenden Körperbaupläne vieler mehrzelliger Tierstämme, die seitdem die Erde bevölkern, sind in Fossilien eindeutig überliefert. Wann genau die ersten vielzelligen Tiere (Metazoa) auftraten, ist nach wie vor stark umstritten. Mit Standard-Methoden der molekularen Uhr ergeben sich sehr frühe Zeitpunkte für die letzten gemeinsamen Vorfahren zahlreicher Tierstämme, ohne dass aus diesen Epochen Fossilien gefunden worden wären. Durch die Entwicklung neuer Methoden, die die neuen genom-weite Daten nutzen versuchen wir neue Erkenntnisse über die kambrische Explosion zu gewinnen.

Wissenschaftliche Disziplinen:
101004 Biomathematics (50%) | 106012 Evolutionary research (25%) | 106005 Bioinformatics (25%)

Schlagworte:
Stochastic processes, coalescent theory, diffusion processes, phylogeny, population genetics

---

Principal Investigator:	Carolin Kosiol
Institution:	University of Veterinary Medicine Vienna
Co-Principal Investigator(s):	Gergely Szöllösi (University of Budapest)

Status: Abgeschlossen (01.07.2017 – 28.02.2022)
GrantID: 10.47379/MA16061

Weiterführende Links zu den beteiligten Personen und zum Projekt finden Sie unter
https://wwtf.at/funding/programmes/past/ma/MA16-061/