

Universität Hamburg
Abteilung Kommunikation und Marketing
Referat Medien- und Öffentlichkeitsarbeit
Tel.: +49 40 42838-2968
E-Mail: medien@uni-hamburg.de

10. April 2025

15/25

Einblick in die Evolution der Primaten

ERBGUT VON SECHS MENSCHENAFFENARTEN ERSTMALIG VOLLSTÄNDIG ENTSCHLÜSSELT

Ein internationales Forschungsteam unter Beteiligung des Fachbereichs Biologie der Universität Hamburg hat die vollständigen Genome von sechs dem Menschen nah verwandten Primatenarten entschlüsselt. Die Analysen ermöglichen tiefere Einblicke in die Evolution der Menschenaffen und dienen als Grundlage für künftige genetische Studien. Die Ergebnisse wurden in der Fachzeitschrift *Nature* veröffentlicht.

Seit der ersten Sequenzierung des menschlichen Genoms im Jahr 2001 gibt es Anstrengungen, auch Primatengenome zu entschlüsseln, denn das Wissen könnte bei der Rekonstruktion der Evolutionsgeschichte wie auch bei der Erforschung von Krankheiten hilfreich sein. Allerdings blieben bei früheren Genomstudien immer noch Lücken, sowohl was die Vollständigkeit der eigentlichen Genomsequenzen als auch die Zusammenstellung der untersuchten Arten anging.

Diese Lücken sind nun von einem internationalen Forschungsteam unter Leitung von Evan E. Eichler von der Washington University geschlossen worden. Das Team hat die vollständigen Genome von gleich fünf Menschenaffenarten bestimmt: vom Schimpanse, Bonobo, Gorilla, Borneo-Orang-Utan und Sumatra-Orang-Utan sowie zusätzlich von dem den Menschenaffen nahe verwandten Siamang.

„Der besondere Erfolg dieser hervorragenden Team-Arbeit ist die Genauigkeit der Genomsequenzen von im Schnitt weniger als einem Fehler in 500.000 Basenpaaren. Hierdurch konnten insgesamt 215 lückenlose Chromosomen sequenziert werden“, sagt



Prof. Dr. Tobias Lenz vom Fachbereich Biologie der Universität Hamburg und Mitautor der Studie. Der Beitrag seiner Arbeitsgruppe befasste sich dabei vor allem mit der Entschlüsselung von Immungenen, also Genen, die für bestimmte Proteine des Immunsystems von besonderer Bedeutung sind.

Die vollständige Sequenzierung der Genome wurde durch verbesserte Sequenziertechnologien sowie weiterentwickelte Genomanalysemethoden ermöglicht. Mit den neuen Daten können frühere Analysen erheblich verfeinert werden. Für alle künftigen evolutionären sowie genetischen Vergleiche stehen damit nun aussagekräftigere Quellen zur Verfügung. Dazu gehört unter anderem ein verbessertes Verständnis der genetischen Verwandtschaft dieser Arten, ihrer artspezifischen Eigenarten, aber auch ihrer Ähnlichkeit zum Menschen, zum Beispiel auf zellulärer Ebene.

„Mit diesen neuen Genomdaten, die ja den Bauplan aller Körperzellen darstellen, können wir nun auch besser erforschen, warum manche Krankheitserreger leichter auf andere Arten – und somit auch auf den Menschen – überspringen können“, so Lenz.

Originalpublikation

Yoo, D., Rhie, A., Hebbar, P. et al.: Complete sequencing of ape genomes. *Nature* (2025)

DOI <https://doi.org/10.1038/s41586-025-08816-3>

Für Rückfragen:

Prof. Dr. Tobias Lenz
Universität Hamburg
Fakultät für Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften
Fachbereich Biologie
Tel.: +49 40 42838 5369
E-Mail: tobias.lenz@uni-hamburg.de

Sie brauchen Fotos für die Berichterstattung über die Universität Hamburg? In unserer [Bilddatenbank](#) finden Sie hochauflösende Pressefotos in Druckqualität zur honorarfreien Nutzung.

Sie suchen zu einem redaktionellen Thema eine Expertin oder einen Experten? Der [UHH-Expertenservice](#) bietet eine Suche nach Fachbereichen und Schlagwörtern und liefert direkt passende Kontaktdaten.

