Im Spiegel des **Neandertalers**

Sie haben es getan. Und die ganze Welt weiß es jetzt, wenn auch mit einigen zehntausend Jahren Verspätung. Natürlich haben alle Medien weltweit berichtet: Menschen und Neandertaler hatten Sex! Doch für **Svante Pääbo**, Direktor am **Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie** in Leipzig, ist das keineswegs das Wichtigste an seiner Entdeckung.

TEXT **MARCUS ANHÄUSER**

Svante Pääbo sitzt entspannt im Sessel in seinem Büro und grinst. „Viele Menschen finden dieses Thema mit der Vermischung von Mensch und Neandertaler einfach cool“, sagt er. Er nehme sich da gar nicht aus, aber: „Auf Dauer ist es natürlich viel wichtiger, dass wir jetzt ein Genom des engsten Verwandten des Menschen haben.“ In seinem Rücken steht die lebensgroße Rekonstruktion eines Neandertaler-Skeletts. Ob der Urmensch ihm recht gäbe? Wie auch immer.

Pääbo hat allen Grund, entspannt zu sein, denn der Schwede hat innerhalb von fünf Jahren ein Projekt zum

Von Angesicht zu Angesicht: Svante Pääbo mit dem Schädel eines unserer nächsten Verwandten, des Neandertalers.

Foto: Frank Vinken

» Die mtDNA zeigte so viele Unterschiede zu der des Menschen, dass es unwahrscheinlich war, dass der Neandertaler im Stammbaum auf demselben Ast wie *Homo sapiens* saß.

Ziel geführt, von dem man zuvor nur hätte träumen können. Zum ersten Mal liegt das Genom eines ausgestorbenen Vertreters der Gattung *Homo* vor. Die letzten Individuen des Neandertalers lebten vor etwa 30000 Jahren. Jetzt kann man in ihrer Gensequenz lesen und lernen – nicht nur wer oder was die Neandertaler waren: „Wir erfahren vor allem, welche Veränderungen wir in unserem Genom haben, die uns einzigartig machen", sagt Pääbo. Darauf weist er in allen Interviews immer wieder hin. Es geht nicht nur um den Neandertaler, es geht immer auch um uns.

DIE PALÄOGENETIK WIRD AUS DER TAUFE GEHOBEN

Die Präsentation des Neandertaler-Genoms im Fachblatt Science am 7. Mai 2010 ist ein Höhepunkt in der Karriere des 55-Jährigen, Sohn einer Chemikerin und des Nobelpreisträgers und Biochemikers Sune Bergström. Aber nicht nur für ihn, auch für seine Kollegen und die gesamte Forschungsrichtung – die Paläogenetik –, die er als Pionier in den 1980er-Jahren mit aus der Taufe gehoben hat. Pääbo, der Ägyptologie und dann Medizin studierte, hatte neben seiner Doktorarbeit in Immunologie noch ein anderes Forschungsinteresse: Er wollte die DNA von Mumien entziffern. Das hatte vorher noch niemand gemacht. Es war nicht einmal klar, ob es überhaupt noch DNA in den Mumien zu finden gab.

Nachts machte er sich an die Arbeit, unbemerkt von seinem Doktorvater. „Ich hatte ein bisschen Angst vor ihm; er hätte es vielleicht verboten", erzählt Pääbo. Als er dann tatsächlich DNA fand, diese färben und sogar extrahieren konnte, war die Sensation perfekt. „Da musste ich es auch meinem Professor erzählen", sagt er mit einem ironischen Lächeln. Er reichte die Ergebnisse bei Nature ein und landete 1985 mit seiner Entdeckung sogar auf dem Titel des Magazins. Der perfekte Start für eine wissenschaftliche Laufbahn.

Nach einer Zwischenstation in Berkeley bekam Pääbo 1990 ein eigenes Labor an der Ludwig-Maximilians-Universität München. Dort untersuchte er Mitte der 1990er-Jahre erstmals DNA vom Neandertaler und lieferte erste stichhaltige Belege dafür, dass der „grobe Klotz" kein direkter Vorfahre des Menschen gewesen ist. Die Forscher hatten die DNA aus Mitochondrien extrahiert, den Energiekraftwerken der Zelle. Dieses Zellorganell liefert, da es vielfach in der Zelle vorkommt, mehr DNA als der Zellkern – mitochondriale DNA (mtDNA) lässt sich daher einfacher analysieren als Kern-DNA.

Die mtDNA zeigte so viele Unterschiede zu der des Menschen, dass es unwahrscheinlich war, dass der Neandertaler im Stammbaum auf demselben Ast wie *Homo sapiens* saß.

Svante Pääbo wechselte 1997 als einer von fünf Direktoren ans neue Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig. Zu diesem Zeitpunkt war die internationale Forschergemeinde gerade mit der Sequenzierung des menschlichen Genoms befasst. Das 1990 mit öffentlichen Mitteln in den USA gestartete Projekt bekam 1998 Konkurrenz durch die private Biotech-Firma Celera Genomics des US-Genetikers Craig Venter. Der Wettstreit trieb die Forschungsarbeiten voran. Im Jahr 2001 konnten die beiden Forschungsgruppen parallel eine erste Version des Humangenoms präsentieren. An eine Rekonstruktion des Neandertaler-Genoms, für das man eben DNA aus dem Zellkern und nicht aus Mitochondrien benötigt, war zu diesem Zeitpunkt überhaupt noch nicht zu denken.

Im Vergleich zur Sequenzierung von DNA lebender Individuen gilt es eine ganze Reihe von Hürden zu überwinden, wenn man „alte DNA" entschlüsseln will. Das hatten die Vertreter der Zunft in den 1990er-Jahren schmerzhaft lernen müssen. Eines der Hauptprobleme: Eine Probe aus einem zehntausende Jahre alten Neandertaler-Knochen kann zwar eine Menge Genmaterial enthalten, doch mehr als 95 Prozent stammen gar nicht vom Urmenschen. „Das ist DNA von Bakterien oder Pilzen, die den Knochen nach seinem Tod besiedelt haben", erklärt Pääbo.

BUCHSTABENTAUSCH IN DER NEANDERTALER-SEQUENZ

Und das zweite Problem: Der DNA-Strang zerfällt mit der Zeit in immer kleinere Bruchstücke – wie ein Puzzle, dessen Teile verstreut in der Kiste liegen. Einige Teile hängen noch zusammen, aber das Gesamtbild (die Sequenz) ist längst nicht mehr zu erkennen. Hinzu kommt, dass einige Bausteine chemisch verändert sind. Pääbo und sein Team fanden heraus, dass eine der vier Basen des genetischen Codes mit der Zeit ihre Identität eintauscht. In einem Großteil der Sequenz-Bruchstücke steht anstatt eines „C" für Cytosin ein „U" für Uracil, weil das Cytosin eine Aminogruppe verliert. Beim Sequenzieren wird das U, das es in der DNA eigentlich nicht gibt, sondern nur in der RNA, als T für Thymin gelesen. „Wenn man also an der ersten Position einer Sequenz ein T findet, war es in 40 Prozent der Fälle eigentlich mal ein C", erklärt Pääbo.

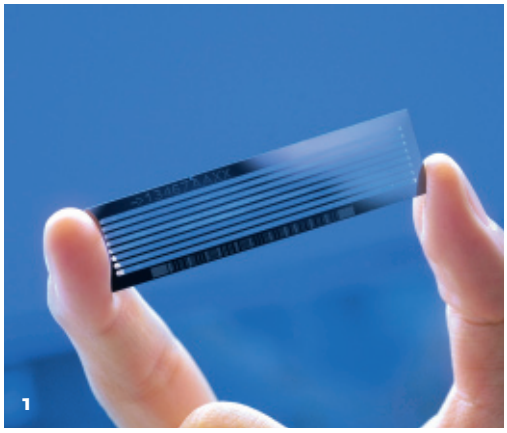
Ein entscheidendes Problem bereiten sich die Wissenschaftler selbst. Sie verunreinigen die Proben mit ihrer eigenen DNA. Denn wo Menschen leben und arbeiten, hinterlassen sie genetische Spuren – ob bei der Ausgrabung am Fundort oder beim Vorbereiten der Gen-Schnipsel im Labor. Was am Tatort eines Verbrechens hilft, den Täter zu überführen, verdirbt den Paläogenetikern die Arbeit. Gelangt ihre DNA – oder die der Putzfrau – in die Probe, ver-

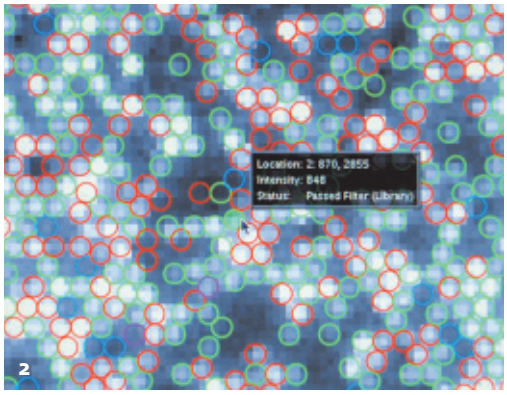
Fotos: Frank Vinken (3)

1 | Tomislav Maricic begutachtet das Knochenfragment eines Neandertalers im Reinstraum.

2 | Bevor die Forscher den Reinstraum betreten dürfen, müssen sie umfangreiche Vorkehrungen treffen.

3 | Für die Analyse benötigen die Forscher tatsächlich nur 400 Milligramm Knochenpulver, das aus dem Knochenfragment herausgebohrt wird.





1 | Eine sogenannte *Illumina GAII flow cell*, mit deren Hilfe mehrere Proben gleichzeitig im Illumina-Genomanalysegerät analysiert werden können.

2 | DNA-Cluster auf dem Ausgabebildschirm des Roche/454 Genomanalysegeräts.

3 | Johannes Krause und Anne Butthof aus dem Team von Svante Pääbo beim Beladen der Illumina Cluster Station.

fälscht sie das Bild, vor allem bei einer Art wie dem Neandertaler, dessen Genom unserem sehr stark ähnelt.

Für alle diese Hindernisse haben Pääbo und sein Team Lösungen gefunden, ohne die es wohl nie zum erfolgreichen Abschluss des Projekts gekommen wäre. Vor allem gelang es den Forschern, die Ausbeute an Neandertaler-DNA um den Faktor 300 zu steigern. Ein ganz wichtiger Schritt, denn zeitweise hatte es so ausgesehen, als ob die Sequenzierung noch zwei Jahrzehnte dauern und 60 Millionen Euro kosten könnte.

FEIN SÄUBERLICHER UMGANG MIT ALTER DNA

Die Wissenschaftler reichern die Neandertaler-DNA an, indem sie etwa molekulare Scheren nutzen, die bevorzugt mikrobielles Genmaterial und nicht humanes Erbgut zerschneiden. „Auf diese Weise reichern wir die Proben auf bis zu 20 Prozent an, was die Sequenzierung überhaupt erst ökonomisch erschwinglich macht“, sagt Pääbo. Um dem Identitätswechsel des Cytosins zu begegnen, schrieben die Forscher bioinformatische Programme, mit denen sie ihre Computeralgorithmen für die Sequenzierung um die Wahrscheinlichkeit korrigierten, mit der ein „T“ eigentlich ein „C“ ist. „Das ermöglicht es uns, bei einem 50 Basenpaare langen Stück sicher zu entscheiden, ob es von einem Neandertaler oder von einem Bakterium stammt“, so Pääbo.

Die Kontamination mit der eigenen DNA war ein Problem, an dem die Gruppe ziemlich zu knabbern hatte. Zahlreiche Vorkehrungen waren getroffen worden. So gehörte es seit Längerem zur Routine, die Proben wie in der Chipindustrie in einem Reinstraum zu bearbeiten. Die Luft wird hier laufend gefiltert und die Wissenschaftler arbeiten nur mit Schutzkleidung. Wenn der Raum nicht genutzt wird, ist er von UV-Licht blau erleuchtet, um DNA-Reste zu zerstören. Doch für eine Arbeit, die das Team im Jahr 2006 im Fachmagazin Nature veröffentlichte, genügten all diese Vorkehrungen nicht. „Wir dachten, wir hätten dank dieser Maßnahmen nur etwa ein Prozent Verunreinigungen, tatsächlich waren es aber 14 Prozent“, sagt Pääbo. Was war passiert?

EINE NEUE GENERATION VON SEQUENZIERMASCHINEN

Die Leipziger hatten ihre Proben in die USA geschickt zum Hersteller der neuesten Generation von Hochdurchsatz-Sequenziermaschinen. Dort gab es aber kein Reinstlabor. „Wir wussten, dass das problematisch werden könnte, wollten aber die neuen Maschinen testen, bevor wir in sie investieren“, erklärt der Max-Planck-Direktor. Und genau dort gelangte fremde DNA in die Proben. „Das ärgert einen. Aber im Nachhinein war es gut, weil wir auf diese Weise ein Problem entdeckten, das wir lösen mussten. So macht man in der Wissenschaft Fortschritt, man kann es nicht beim ersten Mal perfekt machen.“

Mittlerweile stehen die Maschinen in Leipzig und jedes Stück Neandertalersequenz wird mit einem Etikett aus vier Basen markiert und ist damit zweifelsfrei von nicht markierter, menschlicher

Fotos: Frank Vinken (3)

» Und wieder einmal ermöglichte eine technische Entwicklung einen wissenschaftlichen Durchbruch.

DNA zu unterscheiden. So reiht sich eine Verbesserung an die nächste. Die neue Generation von Hochdurchsatz-Sequenziermaschinen der US-Firma 454 Life Science war ein technologischer Quantensprung. Erst diese Entwicklung rückte eine Rekonstruktion der drei Milliarden langen Basensequenz in greifbare Nähe: „Damals dachte ich zum ersten Mal daran, das es möglich sein könnte, das gesamte Genom des Neandertalers zu sequenzieren", so Svante Pääbo.

Und wieder einmal ermöglichte eine technische Entwicklung einen wissenschaftlichen Durchbruch. Die Bedeutung dieser neuen Generation von Sequenziermaschinen könne man gar nicht hoch genug einschätzen, sagt Pääbos Mitarbeiter Adrian Briggs, der erst kürzlich seine Doktorarbeit im Leipziger Labor abgeschlossen hat: „Wir mussten mehr als eine Milliarde Bruchstücke sequenzieren. Das wäre mit Maschinen auf dem Stand von 2004 schlicht unmöglich gewesen." Briggs rechnet vor: „Eine solche Maschine hätte dafür um die 10 000 Jahre

DER UNBEKANNTE DRITTE

Nur wenige Wochen bevor das Leipziger Labor wegen des Neandertaler-Genoms im weltweiten Fokus stand, hatten Svante Pääbo und sein Mitarbeiter Johannes Krause schon einmal mit einem Ansturm der Presse zu kämpfen. Krause hatte Ende März in Nature von einem aufregenden Fund aus einer Höhle im Altai-Gebirge in Südsibirien berichtet: Dort lebte offenbar vor etwa 40 000 Jahren ein bisher unbekannter Hominide – zu einem Zeitpunkt also, da der *Homo sapiens* schon lange seinen Siegeszug um die Welt begonnen, die Neandertaler aber noch einige 1000 Jahre vor sich hatten.

Bestätigen sich die Ergebnisse der Max-Planck-Forscher, wäre das die erste Menschenart, die nicht anhand von Fossilien, sondern allein durch eine Genanalyse entdeckt wurde. Die Genprobe stammte aus einem kirschkerngroßen Glied eines kleinen Fingers, den die russischen Forscher aus Nowosibirsk, mit denen das Pääbo-Labor seit einigen Jahren zusammenarbeitet, eigentlich einem Menschen zugeordnet hatten.

Johannes Krause sequenzierte das Genom der Mitochondrien, jener Zellorganellen, die eine eigene DNA besitzen (mtDNA). Der Vorteil: Die Sequenz ist mit rund 16 000 Basenpaaren nur sehr kurz, und zugleich gibt es mehrere 100 Kopien in jeder Zelle. Als sich der Forscher die ersten Ergebnisse der Sequenzierung ansah, traute er seinen Augen nicht. „Das war ein ganz aufregender Moment. Da stimmte irgendetwas nicht", sagt der 29-Jährige. Entdeckung oder Artefakt? Er war misstrauisch. War etwas bei der Analyse schiefgegangen? Hatte sich ein Fehler in die komplexen bioinformatischen Programme und Algorithmen eingeschlichen, mit denen die Paläogentiker die Genschnipsel rekonstruieren?

Doch viele Kontrolltests bestätigten das ungewöhnliche Ergebnis. Krause hat jede Position der Sequenz mehr als 150-mal sequenziert. „Ich habe sogar noch die Kollegen zu einem Meeting um halb sieben am Freitagabend einberufen, um mit ihnen die Ergebnisse zu besprechen", sagt der Wissenschaftler. Aber auch den Kollegen fiel keine andere Erklärung ein: Diese Sequenz stammte nicht von einem Menschen und nicht von einem Neandertaler, sondern von einem unbekannten Dritten.

Die Abweichung ist deutlich: Während sich die mtDNA des Neandertalers an durchschnittlich 202 Positionen von der des Menschen unterscheidet und die des Schimpansen an mehr als 1400, sind es beim Fingerknochen aus der südsibirischen Denisova-Höhle 385 Positionen. Anhand der Mutationsrate, der molekularen Uhr, errechneten Krause und sein Team, dass dieser vermeintliche Hominidenzweig sich vor rund einer Million Jahren von dem Ast trennte, auf dem später Neandertaler und *Homo sapiens* entstanden.

Aufregend ist der Fund auch, weil er einen Beitrag zu einem neuen Bild von der Evolution der Hominiden leistet. Der moderne Mensch hat offenbar über viele 10 000 Jahre die Erde mit anderen Menschenarten bewohnt, die alle irgendwann ausstarben, während *Homo sapiens* die Welt eroberte. Schon der Fund des „Hobbits", des kleinen *Homo florisiensis* auf der indonesischen Insel Flores, liefert seit 2004 Stoff für diese These.

Doch bevor die Leipziger Max-Planck-Forscher sich definitiv festlegen, wollen sie erst die DNA des Zellkerns sequenzieren und analysieren. „Im Moment gibt es ständig neue Ergebnisse, die auch Bisheriges wieder in Frage stellen. Es ist alles viel komplexer, als wir zunächst dachten", sagt Johannes Krause. Hat es wie beim Neandertaler vielleicht sogar eine Vermischung gegeben? Bis Ende des Jahres hofft er auf eine endgültige Antwort.

Die nachgebaute Neandertaler-Szenerie zeigt, dass die Forscher der Abteilung Pääbo auch mit Spielwitz an ihre Arbeit gehen.

gebraucht oder 10000 Maschinen ein Jahr – was bei einem Preis von mehreren 100000 Dollar unmöglich zu finanzieren gewesen wäre."

DATENANALYSE DAUERTE FAST EIN JAHR

Den Unterschied zwischen alter und neuer Generation dieser ansonsten unscheinbaren Kästen verdeutlicht vielleicht am besten ein Blick auf die etwa handtellergroßen Trägerplatten mit Vertiefungen, in denen die DNA-Fragmente sequenziert werden: Auf den alten Maschinen gibt es 96 Einbuchtungen pro Platte, bei der 454 Life Science-Maschine sind es 1,6 Millionen. „Das bedeutet, dass man mehr als eine Millionen DNA-Fragmente pro Platte parallel sequenzieren kann, im Vergleich zu 96 pro Platte bei der alten Generation", sagt Briggs.

Dass sich die Forscher den neuesten Schrei der Sequenziertechnik leisten konnten, verdanken sie einer zusätzlichen Finanzspritze aus dem strategischen Innovationsfonds des Präsidenten. „Das muss man auch mal sagen: Es gab in der Max-Planck-Gesellschaft einfach Leute, die das Potenzial erkannt und die Mittel zur Verfügung gestellt haben", sagt Pääbo.

Der Aufwand an Zeit, Geld und Arbeit hat sich gelohnt. Im Februar 2009 verkündete das Team, dass das Ziel erreicht sei. Allerdings blieb es erst einmal dabei, veröffentlicht wurde die Sequenz noch nicht: „Wir hatten einfach das Gefühl, wir müssten der Welt sagen: Wir haben es gemacht", sagt Pääbo. Eine erste Analyse der Daten dauerte dann noch einmal ein knappes Jahr. Und das Ergebnis kann sich sehen lassen: ein echter Meilenstein in der Erforschung der menschlichen Evolution. Pääbo und seine Mitarbeiter haben vier Milliarden Basenpaare sequenziert, aus denen sie mehr als 60 Prozent der Neandertaler-Sequenz durch den Vergleich mit dem Genom des Menschen und dem des Schimpansen rekonstruieren konnten.

„Manche Positionen in der Sequenz haben wir mehrmals sequenzieren können, andere dafür überhaupt nicht", sagt Johannes Krause, der seit 2005 im Labor von Pääbo arbeitet. Mehr als 80 Prozent des Neandertaler-Genoms werden die Forscher rekonstruieren können: „Für den Rest sind die Fragmente einfach zu klein", so Krause. Für die Analyse arbeiteten die Leipziger Forscher mit weiteren Laboren, vor allem in den USA, in einem mehr als 50 Personen umfassenden internationalen Konsortium zusammen.

Dass sich Neandertaler und Mensch in geringem Maße vermischt haben, war die eine Überraschung – und weltweit zu lesen und zu hören. Ein bis vier Prozent der DNA der Menschen außerhalb Afrikas stammen vom Neandertaler. Noch überraschender für die Forscher war aber, dass der bullige Eiszeitmensch nicht nur in Europa, sondern auch in China und Papua-Neuguinea seine genetischen Spuren hinterlassen hat. „Das haben wir nicht erwartet", sagt Pääbo. Denn bis heute gibt es keinerlei Hinweise, dass in diesen Regionen jemals Neandertaler gelebt haben. Folglich muss es zu sexuellen Kontakten gekommen sein, bevor der frühe moderne Mensch sich von Afrika kommend über Eurasien ausgebreitet hat.

Die einfachste Erklärung wäre ein Zusammentreffen der beiden im Mittleren Osten. In einem Zeitraum zwischen 80000 und 50000 Jahren vor heute lebten die beiden Menschentypen in derselben Region – das belegen paläontologische Funde. Noch ist aller-

Foto: Frank Vinken

Sie haben den Neandertaler-Code geknackt. Vordere Reihe von links: Hernán Burbano, Anja Buchholz, Svante Pääbo, Janet Kelso, Qiaomei Fu und Martin Kircher; hintere Reihe von links: Adrian Briggs, Jesse Dabney, Matthias Meyer, Tomislav Maricic, Johannes Krause, Udo Stenzel und Kay Prüfer.

dings nicht ganz ausgeschlossen, dass die genetischen Spuren nicht schon auf anderem Wege vor etwa 200000 bis 300000 Jahren irgendwo in Afrika in die Abstammungslinie gelangten. Es wäre nur ein deutlich komplizierteres Szenario notwendig.

WAS MACHT UNS EINZIGARTIG?

Für Svante Pääbo sind aber noch ganz andere Dinge wichtig: „Wir können jetzt einen Katalog erstellen, in dem jene Veränderungen unseres Genoms zu finden sind, die uns wirklich einzigartig machen. Die uns nicht nur vom Schimpansen unterscheiden, sondern auch von unserem nächsten Verwandten." Die Alleinstellungsmerkmale der Spezies *Homo sapiens* sozusagen, all die genetischen Einzigartigkeiten, die sich in den vergangenen 300000 Jahren in unserem Genom fixiert haben. Mehr als 200 solcher Bereiche haben die Forscher schon gefunden. Die wichtigsten 20 finden sich auch im SCIENCE-Artikel. „Das sind die Bereiche, die mich am meisten faszinieren", sagt Pääbo.

Noch ist es zu früh, um konkrete Aussagen zu machen; es sind eher vage Andeutungen. Da gibt es Gene, die mit kognitiver Entwicklung zu tun haben. Mutationen in diesen Genen stehen beim Menschen im Zusammenhang mit Schizophrenie und Autismus. „Das heißt jetzt aber nicht, dass Neandertaler diese Krankheiten hatten", warnt Svante Pääbo. Aber es gibt auch das Gen RUNX2. In seiner mutierten Variante führt es beim Menschen zu *Cleidocranialer Dysostose*, bestimmten Verformungen im Skelett: Der Brustkorb wird glockenförmig, die Schulterknochen verändern sich und – der Augenbrauenwulst verdickt sich. Sieht fast aus wie das Skelett, das hinter Svante Pääbo steht. Doch der Paläogenetiker wiegelt ab: „Nein, das wäre zu einfach", sagt er und lacht.

So leicht kann es nicht sein, die Unterschiede zwischen Mensch und Neandertaler zu offenbaren. Manchmal vielleicht doch? Die Hauptsache ist, dass es jetzt überhaupt möglich ist. Wir werden dem genetischen Geheimnis wieder ein Stück näherkommen, das uns zum *Homo sapiens* macht – indem wir uns in unserem nächsten Verwandten spiegeln. Die Wissenschaftler haben mit ihrer Arbeit gerade erst begonnen. ◂

www.filme.mpg.de
www.youtube.com/user/MaxPlanckSociety

GLOSSAR

Mitochondrien
Von einer Doppelmembran umschlossene Zellorganellen mit eigener Erbsubstanz (mtDNA), deren Aufgabe es ist, die Zelle mit Energie in Form von ATP zu versorgen. Mitochondrien werden nicht neu gebildet, sondern gehen durch Teilung auseinander hervor. Sie sind vermutlich in einem frühen Stadium der Evolution entstanden, indem sich eukaryotische, also kernhaltige Zellen Bakterien einverleibt und diese umfunktioniert haben (Endosymbiose).

Nukleobasen
Die Grundbausteine der DNA und RNA sind die Nukleotide. Sie setzen sich aus einem Phosphatrest, einem Zuckerbaustein sowie einer der fünf Nukleobasen Adenin (A), Guanin (G), Cytosin (C), Thymin (T) oder Uracil (U) zusammen. Letztere sind die Buchstaben des genetischen Codes und bilden die jeweilige Sequenz.

Hochdurchsatz-Sequenzierung
Innerhalb kurzer Zeit kann die Buchstabenfolge von immer mehr genetischen Abschnitten ausgelesen werden. Das führt zu einem enormen Anstieg bei der Erzeugung von Sequenzdaten und gleichzeitig zur Reduktion von Kosten. Ganze Genome werden sich in absehbarer Zeit für einige tausend Euro sequenzieren lassen.

Foto: Frank Vinken