

Auf der Spur des unsichtbaren Lebens in unserer Umwelt

Ein neues Verfahren zur Analyse von Genomsequenzen erlaubt erstmals quantitative Rückschlüsse auf die Identität und Evolution verborgener Bakterien. Über das Verfahren, das an der Universität Zürich mitentwickelt worden ist, wurde am 1. Februar 2007 in «Science» berichtet.

Unsere Umwelt wird zu einem Grossteil von Mikroorganismen dominiert. Schätzungen zufolge machen sie mehr als einen Drittel der Biomasse des Planeten aus, und bezogen auf die Anzahl der Individuen sind sie erfolgreicher als jede andere Lebensform. Man findet sie in Wasser, an Land, auf und in unseren Körpern, und sie beeinflussen globale Nährstoffkreisläufe, das Klima und unsere Gesundheit. Umso überraschender ist es, dass man trotz jahrzehntelanger Forschung recht wenig über die meisten der natürlich vorkommenden Bakterienarten weiss. Umweltbakterien lassen sich nämlich, im Gegensatz zu Krankheitserregern, im Labor oft nicht kultivieren. Sie sterben ab, sobald sie in einer Nährlösung isoliert werden.

Ein neues Verfahren zur Analyse von Genomsequenzen, das an der Universität Zürich mitentwickelt worden ist, ermöglicht nun erstmals einen analytischen Blick in die Erbsubstanz dieser «verborgenen» Mikroorganismen. Das Verfahren wurde am 1. Februar 2007 im Wissenschaftsmagazin «Science» veröffentlicht und geht auf eine Zusammenarbeit von Prof. Christian von Mering, Institut für Molekularbiologie, mit Forschern in den USA und Deutschland zurück.

METAGENOMIK ERFORSCHT GENE GANZER GEMEINSCHAFTEN

«Wir basieren unsere Analyse auf Daten von Genomprojekten», erklärt Christian von Mering. Erst kürzlich haben Forscher damit begonnen, die Genome von Mikroben direkt aus der Umwelt zu sequenzieren, ohne sie vorher im Labor zu züchten. «Diese so genannte Metagenomik ist für uns sehr interessant, weil sie erstmals einen unverfälschten Einblick auf die Vielfalt der Organismen in einer bestimmten Umweltprobe ermöglicht», so Prof. von Mering.

Von Mering und seine Kollegen analysierten Genomdaten aus einer Reihe von Umweltproben: Erdboden, Meerwasser, Minensickerwasser, und sogar von einem unterseeischen Wal-Skelett. In jeder dieser Proben fanden sie hunderte oder gar tausende verschiedener Bakterienarten – wild durcheinander gemischt, ohne dass eine eindeutige Zuordnung ersichtlich war. «Wir mussten erst lernen, mit diesen Daten umzugehen», so von Mering.

«Bis anhin sind immer nur einzelne Organismen sequenziert worden, nie ein ganzes Ökosystem.» Nach und nach entwickelte das Team Verfahren, um aus der Masse der Genomdaten diejenigen Gene zu filtern, die Rückschlüsse auf die Identität der Bakterien erlauben. Zusammen mit der Arbeitsgruppe von Peer Bork vom Europäischen Molekularbiologie-Labor, Heidelberg, konnten die Umweltbakterien so in den «Baum des Lebens» eingeordnet werden, d. h. in die Verwandtschaftsbeziehungen bereits bekannter Bakterien.

MIKROBEN WECHSELN LEBENSRAUM SELTEN

«Viele dieser Bakterien sind nur sehr entfernt verwandt mit bekannten Arten», so Peer Bork. «Das deutet darauf hin, dass noch sehr viel mehr Arten zu entdecken sind, als wir bis jetzt bereits kennen.» Besonders spannend waren die Unterschiede zwischen den einzelnen Proben. In jeder der Proben fanden sich Arten, die in den anderen Proben fehlten und die anscheinend spezifisch an ihre Umwelt angepasst waren. «Bisher ist man davon ausgegangen, dass Mikroben Generalisten sind, d. h. an vielen Orten erfolgreich existieren können», sagt von Mering. «Unsere Daten deuten aber darauf hin, dass die meisten Mikroben sich auf eine bestimmte Nische festlegen und dort viele Millionen Jahre verbleiben. Das würde auch erklären, warum sie sich weigern im Labor zu wachsen.»

Zusammen mit Forschern vom Joint Genome Institute in Kalifornien ist das Team auch der Frage nachgegangen, ob die Evolution in allen Teilen unserer Umwelt gleich schnell voranschreitet. Die Geschwindigkeit der Evolution kann man an der Häufigkeit von Mutationen abschätzen, d. h. an Sequenzveränderungen in bereits bekannten Genen. Tatsächlich stellten sich bald Unterschiede heraus: Organismen im Meerwasser beispielsweise verändern sich deutlich schneller als Organismen im Erdboden. Dazu sagt Prof. von Mering: «Wir können also tatsächlich aus der Momentaufnahme der Genomsequenzen etwas über die Biologie und Ökologie der Mikroben lernen. Zumindest bis es uns gelingt, mehr Mikroben im Labor zu züchten, werden wir also noch oft die Hilfe der Sequenzierroboter brauchen.»

Kontakt:

Prof. Christian von Mering, Institut für Molekularbiologie, Universität Zürich, Tel. +41 (0)44 635 31 47, E-Mail: mering@molbio.unizh.ch

Der Text wurde am 1. Februar 2007 unter www.mediadesk.unizh.ch veröffentlicht.