



PRESSEMITTEILUNG

130/2020

Bereich Forschung
 Publikationen
 Statements
Sachgebiet Biowissenschaften
 Mathematik / Informatik
Verbreitung überregional
Datum 22. April 2020
von Susann Huster

Medienredaktion
Ritterstraße 26, 04109 Leipzig
www.uni-leipzig.de
presse@uni-leipzig.de
T.: 0341 97-35020 | F.: 0341 97-35029

Bioinformatiker dringen tief in die Entwicklungsgeschichte von Bakterien vor

Internationales Forscherteam untersuchte Gene von Bakterien

Im menschlichen Körper sind Bakterien aktiv, deren Gene teilweise wesentlich älter sind als die des Menschen selbst. Auf dieser Erkenntnis baut die Forschung der Bioinformatikerin Sarah Berkemer von der Universität Leipzig und ihres Kollegen Shawn McGlynn vom Institut „Earth Life Science“ der Technischen Universität Tokio auf. Ihre Erkenntnisse, mit denen sie tief in die Entwicklungsgeschichte von Bakterien eingedrungen sind, haben sie jetzt im renommierten Journal „Molecular Biology and Evolution“ veröffentlicht.

In seinen Studien untersuchte das internationale Forscherteam Gene von Bakterien und sogenannten Archaeen, die früher auch als Urbakterien bezeichnet wurden. „Archaeen und Bakterien sind einzellige Organismen, die einen Großteil der Lebewesen auf der Erde ausmachen und fast überall vorkommen“, erklärt Sarah Berkemer. Sie sind zwei der drei definierten sogenannten Domänen von Organismen, wobei der Mensch zur dritten Domäne gehört, den Eukaryoten. „Einige Arten der Bakterien und Archaeen leben in Symbiose mit anderen Lebewesen, zum Beispiel im Magen und Darm des Menschen, wo sie etwa für den Stoffwechsel gebraucht werden.“

Den Wissenschaftlern lag ein schier unglaublicher Datensatz vor: Von insgesamt 74 Archaeenspezies und 573 Bakterienspezies wurden 603.416 archaeele Gene und 33.093.496 bakterielle Gene untereinander verglichen. Dabei spielte laut Berkemer der Vergleich von Genen aus unterschiedlichen Organismen eine zentrale Rolle. „Gibt es ein Gen aus vielen verschiedenen Arten, das große Ähnlichkeiten beziehungsweise nur geringe Unterschiede in sehr vielen Arten aufweist, wird dieses Gen näher betrachtet. Durch paarweise Vergleiche solch einer Gensequenz in unterschiedlichen Organismen können wir feststellen, ob diese leichten Unterschiede vor allem zwischen Genen in Bakterien und Archaeen bestehen oder ob es Unterschiede auch innerhalb der Gruppe der Bakterien oder Archaeen gibt.“

Die Eukaryoten, zu denen wie beschrieben der Mensch gehört, haben sich erst zu einem späteren Zeitpunkt der Evolution aus Archaeen und Bakterien entwickelt, die wiederum aus gemeinsamen Vorfahren hervorgegangen sind. „Natürlich haben sich im Laufe der Evolution viele neue Arten von Bakterien und Archaeen entwickelt und somit auch deren Genome stark verändert“, erläutert die Bionformatikerin. Im Genom werden Gene kodiert, durch die der Bauplan und die Lebensweise der Organismen umgesetzt werden. Trotz der Weiterentwicklung und Veränderung der Gene ist es möglich, evolutionär sehr alte, konservierte Gene in diesen Organismen zu finden.

„Wir sind hier der Theorie nachgegangen, dass Gene, die am Sauerstoffmetabolismus beteiligt sind, sich sehr wahrscheinlich erst später in der Evolution entwickelt haben, was durch die Annahme bestätigt wird, dass die Sauerstoffkonzentration in frühen Stadien der Erdentwicklung geringer war als heute. Und unserer Auffassung nach konnten wir das bestätigen“, zeigt Berkemer auf. Insgesamt habe sich gezeigt, dass Gene, die am Zellmetabolismus beteiligt sind, weniger gut konserviert sind. „Gleichzeitig bestätigen wir die Annahme, dass viele Gene, die bei der Prozessierung von genetischen Informationen in der Zelle beteiligt sind, schon in sehr frühen Stadien der Evolution von Archaeen und Bakterien existiert haben, wie zum Beispiel kleine ribosomale Einheiten, die bei der Synthese von Proteinen eine wichtige Rolle spielen.“

Die Zusammenarbeit der Leipziger Wissenschaftlerin mit ihren Kollegen in Japan reicht bereits drei Jahre zurück. Damals konnte Sarah Berkemer mit einem Stipendium des Deutschen Akademischen Austauschdienstes (DAAD) ausgestattet und in Zusammenarbeit mit der Japan Society for the Promotion of Science für drei Monate in Tokio arbeiten. Die damals entstandenen Kontakte wurden bei Zusammentreffen auf internationalen Symposien und Tagungen vertieft und führten zu der gemeinsamen Arbeit, die jetzt veröffentlicht wurde.

<p class="wi-article-title article-title-main">Originaltitel der Veröffentlichung in „Molecular Biology and Evolution“:

"A new analysis of archaea-bacteria domain separation: variable phylogenetic distance and the tempo of early evolution", DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa089>

Autor: Jörg Aberger

weitere Informationen

Sarah Berkemer

Interdisziplinäres Zentrum für Bioinformatik Universität Leipzig

Telefon: +49 341 97-16633

E-Mail: bsarah@bioinf.uni-leipzig.de