

## **Bakterien wie Tag und Nacht: Genomprojekt startet**

**Im August startet unter Leitung der Österreichischen Akademie der Wissenschaften (ÖAW) ein internationales Genomforschungsprojekt. Ziel ist, die bisher unbekannte ökologische Funktion eines weit verbreiteten Süßwasserbakteriums aufzudecken und Einblicke in die Evolution von Bakterien zu gewinnen.**

Im Rahmen des "Polynucleobacter Genom Projekts" will ein internationales Forscherteam unter der Leitung von Martin Hahn vom ÖAW-Institut für Limnologie in Mondsee das Erbgut zweier sehr eng verwandter, ökologisch aber äußerst unterschiedlicher Bakterien analysieren. Beide gehören zur Art *Polynucleobacter necessarius*. In ihren Lebensweisen unterscheiden sie sich jedoch wie Tag und Nacht.

Das eine Bakterium lebt in vollkommener Abhängigkeit als Symbiont in den Zellen von Wimperntierchen (Ciliaten), das andere frei schwebend in der Freiwasserzone von Seen. Die Symbionten sind außerhalb der Wirtszellen nicht überlebensfähig und auch die Wimperntierchen sind von ihren „Untermietern“ auf Gedeih und Verderb abhängig.

Im Gegensatz hierzu steht das freilebende Bakterium nicht in einem solchen Abhängigkeitsverhältnis. Es repräsentiert eine Bakteriengruppe, die aufgrund ihrer Häufigkeit von großer Bedeutung für die Ökologie verschiedenster Oberflächengewässer ist. „In manchen Proben von unverschmutzten Gewässern konnten mehr als ein Milliarde dieser Bakterien in einem Liter Wasser nachgewiesen werden“, sagt Martin Hahn.

Gerade die großen ökologischen Unterschiede zwischen den beiden Bakterien sowie die ökologische Bedeutung der freilebenden Vertreter machen diese Bakterien so interessant für die Forschung. Die am Projekt beteiligten Wissenschaftler aus Österreich, Deutschland, Italien, und den USA, erhoffen sich von den Genomanalysen die Aufdeckung von spezifischen genetischen Anpassungen an die jeweiligen, sehr unterschiedlichen Lebensbedingungen.

Wichtigstes Ziel des Projekts ist jedoch, die ökologische Funktion der freilebenden Vertreter aufzudecken. „Obwohl sie wahrscheinlich in so gut wie allen Süßwasserseen, in größeren Fließgewässern, und möglicherweise auch im Grundwasser vorkommen, ist derzeit so gut wie nichts über ihre spezifische Funktion im Stoffhaushalt dieser Gewässer bekannt“, erklärt Martin Hahn.

Wichtiger Partner des auf zwei Jahre konzipierten Projekts ist das US-amerikanische Joint Genome Institute. Das zum US-Energieministerium gehörende Institut übernimmt die Finanzierung und Durchführung der kostenintensiven Sequenzierung der beiden Bakteriengenome. Diese Zusammenarbeit ist eine Premiere für Österreich: „Es ist das erste Mal, dass das US Joint Genome Institute einen Projektvorschlag aus Österreich angenommen hat“, so Hahn.

### **Hintergrundinformationen:**

Projekt: <http://www.jgi.doe.gov/sequencing/why/CSP2006/polynucleobacter.html>

Joint Genome Institute: <http://www.jgi.doe.gov/index.html>

Untersuchte Bakterien: <http://aem.asm.org/cgi/content/abstract/69/9/5248>