

Erbgut eines Anammox-Bakteriums entschlüsselt

Genompuzzle für (Bio-)Informatiker

Ein europäisches Forscherteam, darunter Wissenschaftler der TUM-Lehrstühle für Genomorientierte Bioinformatik (Prof. Werner Mewes) sowie für Rechnertechnik und Rechnerorganisation - Parallelrechnerarchitektur (Prof. Arndt Bode), hat das Erbgut eines ganz besonderen Bakteriums aufgeklärt. Die Mikrobe ist ein Vertreter der Anammox-Bakterien, der weltweit bedeutendsten biologischen Erzeuger des atmosphärischen Stickstoffs. Sechs Jahre lang dauerte die Sisyphos-Arbeit; da das Bakterium sich im Labor nicht in Reinkultur züchten lässt, mussten die Wissenschaftler sein Erbgut aus einer Probe zusammensetzen, die auch eine Vielzahl anderer Bakterien enthielt, und aus mehr als 260 Millionen Nukleotiden die richtigen vier Millionen zuordnen. Die Fachzeitschrift »Nature« berichtete im April 2006 über die Studie.



* Nature 440, 790-794

Der Name Anammox ist Programm und steht für Anaerobe Ammonium-Oxidation: Die Einzeller besitzen die einzigartige Fähigkeit, in sauerstoffarmen Umgebungen Ammonium und Nitrit zu gasförmigem Stickstoff abzubauen. Schon 1977 postulierte der Wiener Physikochemiker Engelbert Broda die Existenz solcher damals noch unentdeckten Bakterien. Unter Mikrobiologen war diese Hypothese jedoch lange Zeit heftig umstritten. Erst 1999 identifizierten holländische Forscher einen Mikroorganismus, der tatsächlich mit Hilfe dieser vormals bei keinem anderen Lebewesen beobachteten Stoffwechselleistung leben konnte. Kurz darauf wurde erstmals ein Anammox-Bakterium mit Hilfe molekularer Methoden in einer Kläranlage direkt nachgewiesen und *Kuenenia stuttgartiensis* genannt. Prof. Michael Wagner von der Universität Wien initiierte daraufhin das Projekt zur Analyse des Genoms. Heute weiß man, dass die rätselhaften Anammox-Bakterien in großer Zahl im Meer vorkommen und über die Hälfte des atmosphärischen Stickstoffs produzieren.

Mit der Bestimmung und dem Zusammensetzen von mehr als 98,5 Prozent der Nukleotide des Genoms von *Kuenenia stuttgartiensis* konnte die Untersuchung mit Hilfe der Bioinformatik nun erfolgreich abgeschlossen werden. Verantwortlich für Verarbeitung, Management und Interpretation der enormen Datenmenge waren Bioinformatiker des am TUM-Wissenschaftszentrum Weihenstephan (WZW) angesiedelten Lehrstuhls für Genomorientierte Bioinformatik

Anammox-Bakterien (rot) im Biofilm einer Kläranlage, nachgewiesen mit fluoreszierenden Sonden;
Grün: Nicht-Anammox Bakterien.
Abbildung: Michael Wagner

gemeinsam mit Kollegen des GSF-Forschungszentrums für Umwelt und Gesundheit, Neuherberg. Um die Anammox-Gene aus den großen Datenmengen auslesen und identifizieren zu können, entwickelten die GSF-Wissenschaftler eine spezielle Software. Die Analyse der Genfunktionen erfolgte in Neuherberg und am WZW. Mit rund 5 000 Genen ist das Genom der Einzeller wesentlich größer als ursprünglich angenommen. Doch schließlich handelt es sich um erstaunlich komplexe, physiologisch sehr vielseitige Bakterien. So können sie eine Vielzahl unterschiedlicher Verbindungen als Energiequelle nutzen und sogar Metalle wie Mangan oder Eisen reduzieren, die vor allem in den marinen Anammox-Habitaten häufig sind. Besonders exklusiv: Die Bakterien produzieren bei der Anammox-Reaktion als freies Zwischenprodukt Hydrazin, einen bevorzugt zum Raketenantrieb verwendeten Brennstoff. Gegen diese hochgiftige Substanz schützen sie ihre empfindlichen Zellbereiche durch einzigartige, dichte Membranen, die im Zellinneren die gefährlichen Reaktionsräume umschließen.

Am Institut für Informatik der TUM in Garching berechnete Dr. Harald Meier aus der im Genom enthaltenen Information Stammbäume der Mikroben und kam dabei zu überraschenden Erkenntnissen über deren Evolutionsgeschichte. So zeigte sich, dass die Anammox-Bakterien relativ nah mit den Chlamydien verwandt sind, die zu den am weitesten verbreiteten Krankheitserregern beim Menschen gehören. Zudem ergab die phylogenetische Analyse: Anammox-Bakterien zählen zur Gruppe der Planktomyceten, deren Vertreter bei gemäßigten Umwelttemperaturen wachsen und vor einigen Jahren als mögliche Vorfahren der Bakterien im Gespräch waren. »Die aufwendig gerechneten Stammbäume

unterstützen diese These nicht, sondern stärken die Vorstellung von einem Vorfahren, der in einer heißen Umgebung auf der Erde gelebt hat«, erklärt Meier. »Nur durch den Einsatz von phylogenetischen Analyseprogrammen der neuen Generation auf leistungsfähigen Parallelrechnern wie dem INFINIBAND-Cluster am Institut konnten wir die Daten in vernünftiger Zeit präzise analysieren.«

Harald Meier,
Thomas Rattei

Dr. Harald Meier
Lehrstuhl für Rechnerarchitektur und Rechnerorganisation –
Parallelrechnerarchitektur
Tel.: 089/289-19476
meierh@in.tum.de

Dr. Thomas Rattei
Lehrstuhl für Genomorientierte Bioinformatik
Tel.: 08161/71 2132
t.rattei@wzw.tum.de