

Archaeen gelten als alte Organismengruppe, weil sie oftmals an extreme Bedingungen angepasst sind, wie Temperatur, Säure- oder Salzkonzentrationen. So kommen sie z.B. auch in heißen Quellen am Grund der Tiefsee vor. Um die Evolutionsgeschichte ihrer Gene zu untersuchen, verglich das Forscherteam 267.568 von ihnen mit den bakteriellen Sequenzen. Dabei zeigte sich, dass 39 Prozent der untersuchten Gene aus Bakterien stammen, die im Laufe der Evolution aufgenommen worden sind. Vermutlich sind sie auch entscheidend für die Entstehung der 13 Ordnungen innerhalb der Archaea.

Prof. Siebers: „Interessant ist auch, dass die aufgenommene Erbinformation vor allem neue Stoffwechselfähigkeiten vermittelt. Ursprünglich wurde vermutlich Kohlendioxid verwertet, danach konnten sie z.B. Zucker als Energie- und Kohlenstoffquelle nutzen. Das heißt, der massive Gentransfer im Laufe der Evolution ermöglichte den Archaea vermutlich das Erobern neuer Umweltnischen.“

Weitere Informationen: Prof. Dr. Bettina Siebers, Tel. 0201/183-7061, [bettina.siebers@uni-due.de](mailto:bettina.siebers@uni-due.de), Nature (2014) doi:10.1038/nature13805, <http://www.nature.com/nature/journal/vaop/ncurrent/full/nature13805.html>

Redaktion: Beate H. Kostka, Tel. 0203/379-2430

## **Mikrobielle Evolution durch „Gen-Diebstahl“**

Im Unterschied zu Höheren Lebewesen (Pflanzen und Tiere), die den Gesetzen der Vererbung folgen und ihre Erbinformation gezielt an ihre Nachkommen weitergeben, zeichnen sich Prokaryonten (kleine Zellen ohne Zellkern) durch regen Genaustausch aus. Mikrobielle Gene (Desoxyribonukleinsäure (DNS) als Träger der Erbinformation) werden in der Umwelt freigesetzt, hemmungslos aufgenommen und an die Nachkommen weitergegeben. Dieser Prozess der Verbreitung der Erbinformation ist schon seit Mitte des letzten Jahrhunderts als horizontaler (oder lateraler) Gentransfer (HGT) bekannt und spielt z.B. bei der Verbreitung von Antibiotikaresistenzen in Krankenhäusern eine zentrale Bedeutung. Eine neue internationale Studie unter der Leitung von Prof. Bill Martin (Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf), an der u.a. auch Prof. Bettina Siebers von der Universität Duisburg-Essen (UDE) beteiligt war, untersucht das Ausmaß des HGTs in Prokaryonten. In ihrer Studie in Nature (doi:10.1038/nature13805, 15.10.2014) konnten sie zeigen, dass HGT eine zentrale, treibende Kraft bei der Evolution der beiden prokaryontischen Lebenslinien der Bakterien (Bacteria) und Archaeen (Archaea) war. Archaea (griech. für „ursprünglich, alt“) werden als alte Organismengruppe angesehen, da sie oftmals an extreme Bedingungen (z.B. bzgl. pH, Temperatur, Salzkonzentrationen) angepasst sind und z.B. in heißen Quellen oder den bekannten „Schwarzen Rauchern“ zu finden sind.

Das Team wählte einen extensiven bioinformatischen Ansatz (Vergleich von 267.568 Genen), um die Evolutionsgeschichte der Gene der Archaeen zu untersuchen und durch den Vergleich mit bakteriellen Sequenzen ihre evolutionäre Verwandtschaft aufzudecken. Dabei zeigte sich eine signifikante Anzahl von Genen (39%), die nicht archaealen Ursprungs sind, sondern während der mikrobiellen Evolution aus Bakterien aufgenommen wurden und vermutlich entscheidend für die Entstehung der 13 Ordnungen innerhalb der Archaea waren. Bei der

aufgenommenen Erbinformation handelt es sich vor allem um Gene, die neue Stoffwechselfähigkeiten vermitteln und so vermutlich die Anpassung des Lebensstils der Archaea von ursprünglicher CO<sub>2</sub>-Verwertung (Methanogene Vertreter) auf Nutzung komplexer organischer Verbindungen wie z.B. Zucker als Energie- und Kohlenstoffquelle ermöglichten. Der massive horizontale Gentransfer im Laufe der mikrobiellen Evolution ermöglichte vermutlich damit letztendlich die Eroberung neuer Umweltischen durch Vertreter der Archaea.