



Schöne Biologie

Fusselige Arten

■ Bei Schimpanse Clint war die Sache klar: Man sequenzierte dessen Genom sorgfältig durch – und bekam das Schimpansengenom (LJ 10/2005, S. 6).

Prokaryoten-Forscher dürfen von solchen Verhältnissen offenbar nur träumen. Vor kurzem verglich eine Autoren-Armada aus den USA und Italien die Genomsequenzen von acht Stämmen des Bakteriums *Streptococcus agalactiae*, einem Hauptverursacher bakterieller Lungen- und Hirnhautentzündungen bei Neugeborenen (PNAS 102, S. 13950). Und in krassem Gegensatz zu Clints Genom bleibt nach deren Ergebnissen eher die Frage: Wieviele Genome braucht man, um eine Bakterienspezies zu beschreiben? Oder gar noch grundlegender: Gibt es überhaupt scharfe Grenzen zwischen Bakterienarten?

Dazu muss man zuerst einmal wissen, dass die letzte echte Definition einer Bakterienspezies aus der Prägenomik-Ära stammt, nämlich von 1987. Und diese war zudem noch rein operational, statt dass sie auf einer klaren Theorie basierte. Sie ging etwa folgendermaßen: Wenn die DNA zweier Prokaryoten-Stämme zu über 70 Prozent reassoziert, und diese zudem noch charakteristische Phänotypmerkmale teilen – dann gehören sie zu ein und derselben Art.

Je mehr Genomdaten jedoch seither gelesen werden, desto stärker bröckelt diese Definition – zuletzt wegen des eingangs erwähnten Papers. Was haben also Erstautor Hervé Tettelin und Co. bei *Streptococcus agalactiae* gefunden? Zunächst einmal schwankte die Zahl der vom *Gene Finder* vorhergesagten Gene zwischen 2034 (Stamm ST7) und 2481 (Stamm ST17). Was den nächsten Befund nicht mehr ganz so verwunderlich macht: Denn im Vergleich besaß der zweite Stamm 161 Gene, die der erste Stamm nicht hatte; der fünfte Stamm verfügte im weiteren Verlauf dann immer noch über 54 Gene, die allen vier Vorgängern fehlten; und selbst der achte Stamm fügte dem *S. agalactiae*-Genom nochmals 30 „neue“ Gene hinzu.

Die Extrapolation dieser Daten lieferte eine absteigende Exponentialkurve, die ihr Plateau bei 33 neuen Genen pro sequenziertem Genom erreicht. Genau genommen sagt

die Kurve damit: Man kann *S. agalactiae*-Genome sequenzieren, bis man schwarz wird – das *S. agalactiae*-Genom wird man niemals komplett erfassen.

Natürlich liefert das PNAS-Paper auch Hinweise, welche Mechanismen hinter solch „fluiden“ Prokaryoten-Genomen stecken: Horizontaler Gentransfer sowie Infektion mit Bakteriophagen. Und angesichts der neuen Zahlen staunt die Fachwelt nun über den „riesigen Pool an Genen in der Umwelt“, aus dem sich Mikroorganismen offenbar kräftig bedienen können.

Tettelin und Co. jedoch können das heraufziehende Dilemma um den prokaryotischen Speziesbegriff zumindest ein wenig abdämpfen. Denn wie sie fanden, betrafen die wilden Variationen in *Streptococcus agalactiae* lediglich etwa 20 Prozent des Genoms. Die übrigen 80 Prozent waren in allen Stämmen konserviert. Eine Bakterienspezies könne daher allenfalls durch das beschrieben werden, was die Autoren „Pan-Genom“ nennen. Dieses bestehe aus einem konservierten Kerngenom sowie einem variablen bzw. austauschbaren Teil. Vor dem Hintergrund der Verhältnisse in *S. agalactiae* müsse man aber letztlich davon ausgehen, dass in so mancher Bakterienspezies das Kerngenom insgesamt nur einen kleinen Teil des letztlich „offenen“ Pan-Genoms ausmacht.

In eine ähnliche Richtung drängt damit auch die Beantwortung obiger Frage Nummer zwei: Die Artgrenzen zwischen Prokaryoten scheinen auf diese Weise ziemlich „fusselig“ – nicht zuletzt, weil sie offenbar mit ungeahnt hoher Frequenz Gene aus anderen Spezies einbauen. Und von diesen bewahrt wiederum jeder Stamm vor allem diejenigen in seinem Pan-Genom, die er in seiner aktuellen Umwelt gerade brauchen kann.

Bleibt zum Schluss noch eines: Im letzten Heft zitierten wir an dieser Stelle Craig Venter, dass er mit seinem Team in einem Kubikmeter Meerwasser durch reines Sequenzieren 50.000 neue Arten von Mikroorganismen gefunden habe. Nach den Erkenntnissen des PNAS-Papers könnte es sein, dass er mit dieser Zahl ziemlich daneben liegt. Senior-Autorin des PNAS-Papers ist übrigens Venters Ex-Frau Claire Fraser.

RALF NEUMANN