

VON DEN GEHEIMEN HERRSCHERN ALLER LEBENSÄUERE

DIE KOMMISSION FÜR ÖKOLOGIE WIDMETE SICH DEN ALLGEGENWÄRTIGEN, ABER WENIG BEKANNTEN MIKROORGANISMEN

Mikroorganismen – im Folgenden sind damit Bakterien und Archaeen gemeint – sind die geheimen Herrscher aller Lebensräume. Kein Ökosystem kann ohne sie funktionieren. Nach neuesten Schätzungen sollen sie mehr als die Hälfte der auf der Erde vorkommenden Biomasse ausmachen. Dennoch sind sie weitgehend unerforscht: Mikrobiologen schätzen die Zahl der bisher bekannten Bakterienarten auf weniger als 1 %! Neuere molekularbiologische Verfahren erlauben es, die Bakterien auch ohne vorherige Kultivierung zu identifizieren und Einblick in ihren Stoffwechsel und ihre Funktionen zu gewinnen. Die Kommission für Ökologie der Bayerischen Akademie der Wissenschaften stellte kürzlich in einem Experten-Rundgespräch unter dem Titel „Bedeutung der Mikroorganismen für die Umwelt“ die wichtigsten dieser neuen Ansätze sowie faszinierende Neuheiten aus der Welt der Bakterien vor.

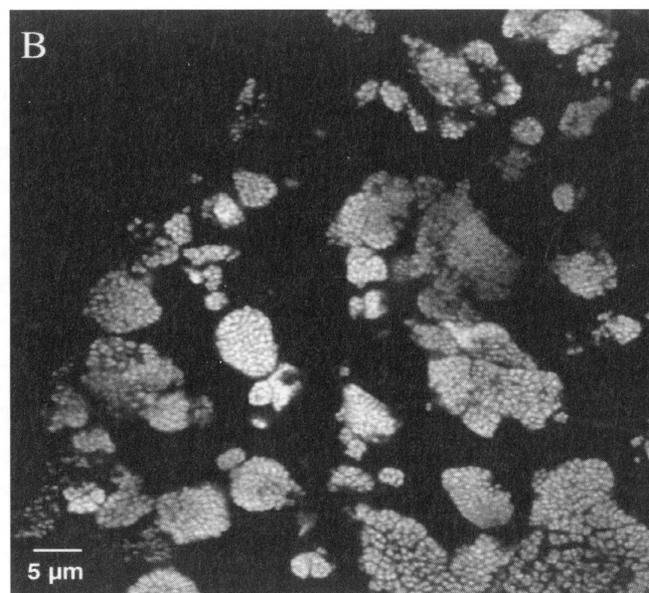
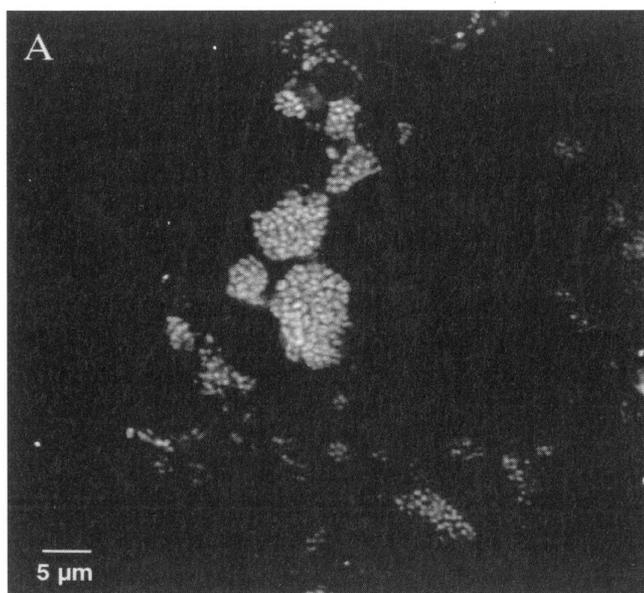
In seiner Einführung verdeutlichte Prof. Dr. Karl-Heinz Schleifer (TU München), der Organisator des Rundgesprächs, das große Problem zum Thema Mikroorganismen: Im Vergleich zu Höheren Pflanzen und Tieren sind die Prokaryoten, die keinen echten Zellkern besitzen, trotz ihrer enormen Masse (ihre Gesamtzahl wird auf 4- bis 6-mal 10³⁰ Zellen geschätzt!) und trotz ihres Beitrags für unsere Umwelt weitgehend unbekannt und uner-

forscht. Prokaryoten sind die ältesten bekannten Lebewesen. Sie entstanden vor mehr als 3,5 Milliarden Jahren auf der Erde und waren über ca. zwei Milliarden Jahre auch die einzigen Lebewesen. Ihre Energie deckten sie in der noch sauerstofffreien Uratmosphäre im Wesentlichen durch den Abbau anorganischer Verbindungen wie solche von Schwefel und Wasserstoff. Erst als sich bei den Cyanobakterien (Cyanophyta, „Blualgen“) die aerobe Photo-

synthese entwickelt hatte, d.h. die Freisetzung von Sauerstoff bei Verbrauch von CO₂ und Wasser, konnten sich alle nachfolgenden Höheren Lebewesen entwickeln. Noch heute sind viele Stoffwechsellleistungen auf die Bakterien beschränkt und es gibt kaum ein Substrat, das von Bakterien nicht abgebaut werden kann.

Wie erwähnt, scheiterte die Erforschung der Mikroorganismen meist an ihrer verbreiteten Nichtkultivierbarkeit. Erst die Entwicklung neuer molekularbiologischer Methoden ermöglichte es, zumindest etwas tiefer in die Welt der Bakterien einzudringen. Die Grundlagen dieser neuen Gensondentechniken wurden im Wesentlichen in dem Labor von Karl-Heinz Schleifer an der TU München entwickelt und 1995 mit dem Körber-Preis für die Europäische Wissenschaft ausgezeichnet. Ihre Anwendungsbereiche, Möglichkeiten und Grenzen zeigten die ersten drei Vorträge, die im Rahmen des Rundgesprächs von Dr. Wolfgang ▶

Abb. 1. In einem Biofilm aus einer Kläranlage der Stadt Ingolstadt konnten ammonium- und nitritoxidierende Bakterien vor Ort mit spezifischen, fluoreszenzmarkierten Gensonden nachgewiesen werden. Abbildung A zeigt ammoniumoxidierende Bakterien, Abbildung B nitritoxidierende Bakterien. Die Abbildungen A und B weisen das selbe mikroskopische Blickfeld auf. Die Visualisierung der Bakteriengruppen erfolgte mit Laser Scanning Mikroskopie. Abb.: M. Wagner/H. Daims





Ludwig, PD Dr. Michael Wagner (beide TU München) und PD Dr. Rudolf Amann (Max-Planck-Institut für marine Mikrobiologie, Bremen) gehalten wurden.

Neben dem Träger der Erbinformation, der DNA (Desoxyribonukleinsäure, doppelsträngig), erfüllt in der Zelle die RNA (Ribonukleinsäure; im Allgemeinen einsträngig) spezifische Funktionen vor allem im Bereich der Eiweiß-Synthese. Diese findet in kleinen, speziellen Zellorganellen, den Ribosomen, statt. Vergleicht man die ribosomale RNA (d.h. die RNA der Ribosomen) bekannter Bakterienarten, so zeigt sich, dass sie in bestimmten Bereichen fast unverändert ist, sie sich in anderen Bereichen jedoch zwischen den einzelnen Arten deutlich unterscheidet. Diese rRNA-Bereiche eignen sich hervorragend zur Aufklärung der phylogenetischen, d.h. der entwicklungsgeschichtlichen Verwandtschaft der Mikroorganismen: Allgemein gilt, je unterschiedlicher einzelne Sequenzbereiche eines rRNA-Gens in zwei Organismen sind, desto weniger nah verwandt sind diese. Vergleicht man z.B. das Darmbakterium „*Escherichia coli*“ mit „*Klebsiella pneumoniae*“, dem Erreger der Lungenentzündung, so beträgt der Sequenzunterschied zwischen bestimmten homologen

rRNA-Genen 3,7 %, während sich z.B. *Escherichia coli* und *Thermotoga*, ein Bakterium aus heißen Quellen, mit 26,1 % unterscheiden. Das bedeutet, dass die Letztgenannten sich in ihrer Evolution sehr viel früher voneinander abgetrennt haben.

Mit Hilfe der Gensonden lassen sich unbekannte Bakterien aus Umweltproben auch in ihrer Funktion im Ökosystem charakterisieren. So könnte z.B. auch die Zusammensetzung der Mikroorganismen in einer Kläranlage routinemäßig kontrolliert und bisher unvorhersehbare mikrobielle Zusammenbrüche, wie sie in der Praxis immer wieder vorkommen, rechtzeitig erkannt und verhindert werden.

Lange unterschätzt wurde die Rolle der Bakterien in Gewässern, wie Prof. Dr. Bernhard Schink (Universität Konstanz) anschaulich darstellte. Mikroorganismen bauen nicht nur in Partikelform vorliegende organische Substanzen (z.B. verrottetes Pflanzenmaterial oder tierische Ausscheidungen) ab und führen diese über den Prozess der Mineralisation in den Nährstoffkreislauf zurück; sie nehmen auch gelöste organische Verbindungen auf, die in großer Menge von Pflanzen ins Wasser abgegeben werden, und überführen sie auf diese Weise wiederum in partikuläre Biomasse, die dann wieder durch frei im

Wasser schwebende kleine Tiere, dem Zooplankton, abgeweidet werden kann.

Beeindruckend ist die Vielzahl und Art der Substrate, die von den Bakterien zu ihrer Energiegewinnung verwendet werden können, wenn im tieferen Wasser kein Sauerstoff mehr zur Verfügung steht. So berichtete Prof. Dr. Friedrich Widdel (Max-Planck-Institut für marine Mikrobiologie, Bremen) von in 800 bis 1000 m Tiefe vor der Küste Oregons neu entdeckten Lebensgemeinschaften. Diese bestehen aus einer Hülle von sulfatreduzierenden Bakterien und einem Kern von Bakterien, die zu der sehr ursprünglichen Gruppe der sogenannten Archaeobakterien gehören und vermutlich Methan oxidieren.

Drei weitere Vorträge des Experten-Rundgesprächs waren dem Zusammenleben von Höheren Pflanzen und Tieren mit Mikroorganismen gewidmet. Prof. Dr. Barbara Reinhold-Hurek (Universität Bremen) geht mit ihrer Forschungsgruppe der Frage nach, ob es neben der bekannten Stickstofffixierung durch Wurzelknöllchenbakterien in bestimmten Pflanzen (z.B. Lupine, Bohne) auch in Gräsern Bakterien gibt, die den freien Stickstoff der Luft binden und damit den Pflanzen zugänglich machen können. Allein beim Reisanbau in Asien werden jährlich 47 Milli-

DIE GESCHÄTZTE ARTENANZAHL DER WICHTIGSTEN LEBEWESEN:

Gruppe	Zahl der beschriebenen Arten (in Tausend)	Geschätzte Zahl an Arten (in Tausend)	Prozent der bekannten Arten
Mikroorganismen:			
Bakterien	5	1000	< 0,5
Pilze	72	1500	4,8
Protozoen	40	200	20
Algen	40	400	10
Pflanzen:	270	320	84
Tiere:			
Nematoden	25	400	6
Insekten	950	8000	12
Wirbeltiere	45	50	90



onen Tonnen an Stickstoffdünger ausgebracht – eine enorme Menge, die durch eine natürliche Düngung durch pflanzeigene Bakterien wesentlich reduziert werden könnte. Dass tatsächlich in einer Grasart in Pakistan, dem Kallargras (*Leptochloa fusca*), sowie in verschiedenen Reissorten derartige stickstofffixierende Bakterien vorkommen, konnte im Labor von Barbara Reinhold-Hurek nachgewiesen werden. Prof. Dr. Jörg Ott von der Universität Wien dagegen widmet sich seit vielen Jahren der Erforschung der Tiefsee. Er berichtete über spektakuläre Symbiosepartner aus dem Tierreich, wie z.B. über *Riftia*, einen meterlangen, mund- und darmlosen Röhrenwurm aus der Verwandtschaft der Vestimentifera, der dank seiner mikrobiellen Symbiosepartner im Körperinneren die höchsten Wachstumsraten aller wirbellosen Tiere (mit Ausnahme des Oktopus) erreicht.

In die komplizierte Welt der Wechselwirkungen zwischen Bakterien, Insekten und deren Wirtspflanzen führte Prof. Dr. Wilhelm Boland (Max-Planck-Institut für chemische Ökologie, Jena) ein. Im Darmtrakt des Insekts lebende Mikroorganismen verknüpfen vom Insekt angelieferte Fettsäuren und Aminosäuren zu Konjugaten, die dann mit dem Salivar- (d.h. Speicheldrüsen)sekret der pflanzensaugenden Insekten in die Wirtspflanze gelangen. Dort wirken die Verbindungen reaktionsauslösend und steuern über interne Signalkaskaden das Ablesen bestimmter Pflanzengene, die für pflanzliche Abwehrstoffe oder im Dienste der Kommunikation stehende Duftstoffe kodieren.

Eine Gruppe ganz besonderer Mikroorganismen stellte Prof. Dr. Karl Otto Stetter (Universität Regensburg) vor: Hyperthermophile, die in Vulkangebieten oder nahe heißen Tiefseequellen vorkommen und an Temperaturen zwischen 80 und 113 °C optimal angepasst sind; einige von ihnen überleben sogar stundenlanges Autoklavieren (d.h. Sterilisieren mittels Dampfdruck) bei 121 °C. Diese Bakterien, die von

Wasserstoffgas, Schwefel-, Eisen- oder Stickstoffverbindungen leben können, stellen entwicklungsgeschichtlich die primitivsten derzeit bekannten Lebewesen dar.

Abgerundet wurde die Tagung mit einer lebhaften Diskussion über den Begriff der Art bei Mikroorganismen. Die Definition von Arten, wie wir sie von den (sich sexuell vermehrenden) Höheren Pflanzen und Tieren kennen, kann für die (sich klonal vermehrenden) Bakterien aufgrund des starken Genaustausches zwischen einzelnen Bakterienzellen nicht direkt übernommen werden. *Escherichia coli* beispielsweise enthält etwa 15 Prozent an Genen, die ihm eigentlich gar nicht gehören, sondern die von anderen Bakterien stammen. Auch können ganze Gengruppen, z.B. bestimmte zusammengehörige Funktionsgene, als Ganzes von einem Bakterium in ein anderes übertragen werden. Nach internationalen Definitionen spricht man von verschiedenen Arten, wenn sich die durchschnittliche genetische

Verwandtschaft, gemessen durch den Anteil der DNA-Übereinstimmung, mehr als 30 Prozent unterscheidet – und dies kann bei Bakterien allein schon durch Gentransfer gegeben sein. Die meisten Mikrobiologen gehen in diesem Dilemma sehr pragmatisch vor: Was, neben den herkömmlichen, klassischen Methoden der Taxonomie, d.h. der Beschreibung, Benennung und Einordnung der Arten, an modernen Techniken zur Verfügung steht, um Unterschiede zwischen den Organismen zu finden und ihre Einordnung in einen Stammbaum zu ermöglichen, wird verwendet – wobei es in dem einen oder anderen Fall durchaus zu Widersprüchen kommen kann.

Alle Vorträge sowie Diskussionen des Rundgesprächs werden in dem Berichtband „Bedeutung der Mikroorganismen für die Umwelt“ veröffentlicht werden (in Vorbereitung für Ende 2001). Näheres zu den sonstigen Publikationen der Kommission gibt es jetzt neu im Internet unter:

<http://www.pfeil-verlag.de>. C.D.